

## LA DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE CHEZ LES PLANTES CULTIVÉES DES RÉGIONS TROPICALES

### GENETIC VARIABILITY IN TROPICAL CROPS

par André Charrier (\*), Julien Berthaud (\*\*), Alain Ghesquière (\*\*)  
et Serge Hamon (\*\*)

(note présentée par André Charrier)

#### RÉSUMÉ

Les activités de l'ORSTOM sur les ressources génétiques concernent une dizaine d'espèces tropicales d'intérêt agricole principalement en Afrique. Les chercheurs ont tout d'abord contribué à l'enrichissement des banques de gènes mondiales en matériel végétal original ; près de 20 000 échantillons sont conservés par le centre ORSTOM de Montpellier. L'analyse de la diversité génétique des espèces a été privilégiée afin de connaître sa structuration et de comprendre son organisation dans son contexte évolutif (domestication, migration, sélection). Deux évolutions fondamentales ont guidé cette approche de la diversité génétique : 1) les concepts de "pools géniques" et de "complexe d'espèces" pour rendre compte des rapports entre les espèces cultivées et les formes apparentées sauvages ; 2) l'étude du polymorphisme moléculaire des protéines et de l'ADN, source quasi illimitée de marqueurs génétiques, dans leur majorité sélectivement neutres. Ainsi, la description de l'organisation génétique des espèces collectées a été réalisée et illustrée par l'exemple des riz. Afin de développer la conservation et la gestion des ressources génétiques, les chercheurs ORSTOM participent au développement de méthodologies adaptées : 1) la constitution de collections réduites (*core collection*) ; 2) la cryoconservation d'espèces à graines récalcitrantes et/ou à multiplication végétative ; 3) la conservation *in situ* des formes spontanées dans leurs écosystèmes et des formes cultivées dans leurs agrosystèmes. Les ressources génétiques conservées prennent de la valeur ajoutée par leur évaluation, leur gestion et leur utilisation en sélection. Quelques-unes des perspectives de valorisation des recherches ORSTOM sont présentées, en particulier l'emploi de marqueurs moléculaires cartographiés dans le pilotage de l'introgression des caractères d'intérêt agronomique.

**Mots clés** : France, institution de recherche, plantes cultivées, ressource génétique, Afrique, biodiversité, conservation du matériel génétique, marqueur génétique, zone tropicale, histoire.

#### SUMMARY

*The activities of ORSTOM in the field of genetic resources are related to some ten species of agricultural interest in Africa. ORSTOM scientists contributed first to the broadening of world gene banks with new material ; almost 20 000 accessions are now kept at ORSTOM center in Montpellier. The second step has been the analysis of genetic diversity of these species to understand their genetic structure and evolution (domestication, migration, breeding). This approach was based on the concept of "gene pools" and the analysis of polymorphism detected by molecular markers (DNA, proteins), which are mostly selectively neutral. Results of studies on rice are given as an example. ORSTOM scientists contribute to the improvement of conservation and management of genetic resources through new methodologies : 1) creation of "core collections"; 2) cryopreservation of species with "recalcitrant seeds" and/or with vegetative propagation; 3) in situ conservation of wild forms in their eco-*

(\*) Professeur à l'ENSAM, 2, Place Viala, 34060 Montpellier Cedex 1.

(\*\*) ORSTOM, BP 5045, 34032 Montpellier Cedex 1.  
C.R. Acad. Agric. Fr., 1994, 80, n° 8, pp. 25-35. Séance du 19 octobre 1994.

*systems, and of cultivated forms in their agrosystems. The conserved genetic resources gain added value through their evaluation, management and use in breeding programs. Some prospects for application of ORSTOM research activities are presented, especially the use of mapped molecular markers for "marker assisted" introgression of agronomic traits.*

**Key words :** France, research institutions, crops, genetic resources, biodiversity, germplasm conservation, genetic markers, tropical zones, Africa, history.

## 1. INTRODUCTION

L'évolution des agricultures a grandement influencé la diversité génétique existant chez les principales espèces cultivées. Dans les pays tropicaux, les paysans utilisent et multiplient eux-mêmes de nombreux cultivars adaptés aux conditions locales. En France, une agriculture paysanne très diversifiée a perduré jusqu'à la première moitié du vingtième siècle. À la même époque, les pays anglo-saxons (États-Unis, Angleterre) pratiquaient déjà une agriculture industrielle plus spécialisée, fondée sur un nombre de plus en plus réduit d'espèces et de variétés améliorées. Selon **Busch**, cette différence serait en rapport avec l'émergence du concept des "Ressources génétiques" sous l'impulsion des Anglo-saxons. Cette problématique a été développée dans les Pays en développement au cours des années 1960-1970 par les centres internationaux de recherche agronomique, en particulier par le centre international des ressources génétiques végétales (IBPGR/IPGRI), et coordonnée par la FAO.

**Pernès** a été l'initiateur à l'ORSTOM de cette thématique fondée sur sa propre expérience de recherche en Afrique ; il s'est forgé à cette occasion une vision originale de l'amélioration des plantes en milieu tropical. Cette approche des ressources génétiques végétales a été conceptualisée dans un ouvrage collectif publié sous la direction de **Pernès** (15), enseignée dans le cadre du DEA Ressources génétiques et amélioration des plantes, et mise en œuvre à l'ORSTOM par l'unité de recherche intitulée "Bases biologiques de l'amélioration des plantes tropicales". Ce groupe de chercheurs a centré ses activités sur :

- 1) la collecte et la conservation de la variabilité de quelques plantes cultivées importantes en Afrique et des espèces spontanées qui leur sont apparentées ;
- 2) l'étude de l'organisation évolutive et de la structuration de la diversité génétique des groupes étudiés ;
- 3) la gestion et l'exploitation pour l'amélioration variétale de cette variabilité.

Cet article est centré sur l'apport original des généticiens ORSTOM à quelques-uns des thèmes d'étude sur la diversité génétique des plantes cultivées des régions tropicales, en particulier :

- leur contribution à la collecte et la conservation des ressources phylogénétiques tropicales,

- l'évaluation de la diversité et les facteurs de sa dynamique (domestication, flux de gènes, pressions de sélection),
- les méthodologies de conservation et de gestion des ressources génétiques,
- les perspectives de ces recherches pour une agriculture tropicale viable à long terme.

## 2. LES RESSOURCES GÉNÉTIQUES COLLECTÉES

Les explorations des naturalistes ont souvent eu pour objectif la collecte d'échantillons à des fins d'inventaire et de connaissance de la biodiversité, voire d'acclimatation de curiosités exotiques. De nouvelles prospections des plantes cultivées tropicales ont été entreprises à l'initiative de l'ORSTOM par des équipes multidisciplinaires et pluriorganismes, en prenant en compte l'histoire évolutive des formes sauvages et cultivées, la domestication et la diffusion des espèces cultivées, la biologie reproductive, les objectifs du programme d'amélioration (adaptation, résistance aux maladies), sans oublier les conditions matérielles de la collecte et de la mise en conservation d'un matériel végétal vivant.

Les collectes réalisées (3) ont privilégié des espèces d'intérêt agronomique pour lesquelles l'Afrique intertropicale est une zone de diversité primaire ou secondaire. Il s'agit en tout premier lieu de céréales et de légumineuses alimentaires originaires des régions soudano-sahéliennes : riz africain, mil à chandelles, sorgho, fonio et niébé. D'autres plantes vivrières introduites en Afrique ont été considérées, comme le riz et le gombo en provenance d'Asie du Sud-est, ou le manioc en provenance d'Amérique du Sud. Enfin, des espèces sauvages africaines sont concernées : les caféiers spontanés des régions forestières vu l'importance économique du café, et les acacias sahéliens ; les graminées fourragères des savanes d'Afrique occidentale (*Pennisetum*, *Cenchrus*) et orientale (*Panicum*). En Amérique latine, une étude de même nature est en cours pour le genre *Tripsacum*.

Pour l'essentiel, le matériel végétal collecté a été déposé dans les stations agronomiques des pays partenaires en régions tropicales, mais sa conservation n'est pas toujours assurée par manque de moyens et d'équipes. La duplication de ces collections en France permet d'assurer la conservation *ex situ*, pour quelques décennies, de 17 500 échantillons de graines stockés en chambre froide à Montpellier (tableau 1).

Par contre, la duplication des collections en champ de plantes arbustives (caféiers, palmier à huile et le cocotier) et de plantes à tubercules (manioc, igname) n'est pas aisée en France. Les recherches conduites au CNRS et à l'ORSTOM ont permis de développer des technologies de conservation adaptées aux espèces récalcitrantes (tableau 1) par culture *in vitro* et cryoconservation d'apex et d'embryons (6).

**Tableau 1 : Banque de gènes ORSTOM en France (Montpellier)**  
**Table 1 : Genebank held by ORSTOM in France (Montpellier)**

Nature	Espèces	Matériel végétal
Chambre froide	Riz Mil Sorgho Panicum Gombo Niébé	4 000 entrées 3 500 entrées 3 500 entrées 2 500 entrées 2 500 entrées 1 000 entrées
Vitrothèque	Manioc Igname Palmier à huile Caféiers	70 cultivars 200 cultivars 70 souches 20 espèces

### **3. L'ORGANISATION ÉVOLUTIVE ET LA DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE DES PLANTES CULTIVÉES**

La description de la variabilité génétique du matériel végétal a longtemps reposé sur l'utilisation des caractères morpho-physiologiques et agronomiques en rapport avec la sélection et l'utilisation des plantes cultivées. Deux évolutions fondamentales se sont produites ces 30 dernières années et ont complètement modifié notre approche de la diversité génétique :

1) l'une est de nature conceptuelle : l'étude des rapports entre les espèces cultivées et les formes spontanées apparentées a conduit aux concepts de pools géniques (10) et de complexes d'espèces (15) ;

2) l'autre est de nature technologique : l'étude du polymorphisme moléculaire au niveau des protéines et, plus récemment, de l'ADN, source quasi illimitée de marqueurs dans leur majorité sélectivement neutres.

Cette nouvelle approche dynamique et évolutionniste repose sur les échanges de gènes entre compartiments par hybridation ou migration, et sur le contrôle de ces flux par les barrières biologiques à la reproduction et par des forces sélectives variées.

La première étude ORSTOM a concerné la structuration observée chez une graminée fourragère tropicale *Panicum maximum* Jacq. : en Afrique de l'Est, les compartiments diploïde sexué et tétraploïde apomictique sont interconnectés par polyploïdisation et haploïdisation naturelles, à des taux faibles (14). Ce type d'étude de l'organisation évolutive des complexes d'espèces a été réalisé pour toutes les espèces collectées par l'ORSTOM et synthétisé dans une vingtaine de thèses ; le cas du riz sera pris en exemple.

*Oryza sativa* L., d'origine asiatique, est répandu maintenant dans le monde entier et comporte deux groupes de variétés analogues à des sous-espèces, *indica* et *japonica*, avec une très grande diversité d'agrotypes. Au contraire, *Oryza glaberrima* Steud. a une importance économique limitée à l'Afrique de l'Ouest et tend à être remplacé par *O. sativa*. Chez *O. glaberrima*, il existe une autre distinction entre un type

flottant, cultivé en immersion profonde et un type dressé et précoce, adapté à la culture pluviale. L'analyse de l'organisation évolutive des riz cultivés a très largement reposé sur l'étude du polymorphisme isozymique de très nombreux cultivars traditionnels collectés au cours des prospections. Cette étude a confirmé la relation directe à la suite de trois domestications indépendantes d'*O. glaberrima* et d'*O. sativa* spp. *indica* et *japonica* avec leurs progéniteurs sauvages respectifs, *Oryza breviligulata* Chevalier et Roschevicz et les formes asiatiques d'*Oryza rufipogon* Griffith (16).

L'existence de très nombreuses formes adventices d'*O. breviligulata* donne l'occasion d'étudier encore actuellement toute la dynamique du processus de domestication du riz cultivé africain (flux de gènes, barrière de reproduction, syndrome de domestication). La diversité d'*O. glaberrima* est réduite par rapport à celle d'*O. breviligulata*, consécutivement à la domestication ; par contre, celle d'*O. sativa* est très importante et se structure en deux goupes de variétés qui se superposent très bien aux sous-espèces *indica* et *japonica* (16). D'autres analyses globales des variations isozymiques sur des collections de riz et la confrontation avec d'autres classifications basées sur des critères agromorphologiques ou la fertilité F1 confirment toujours la permanence de cet axe majeur de différenciation même si d'autres tendances mineures peuvent être mises en évidence (8).

Cette structuration de la diversité trouve sa signification évolutive lorsqu'on compare le polymorphisme des populations chinoises et non chinoises d'*O. rufipogon* avec celui correspondant aux types ancestraux *japonica* et *indica*. La très grande diversité d'*O. sativa* s'interprète alors par des hybridations réciproques entre les sous-espèces *indica* et *japonica*, toutes deux domestiquées indépendamment à partir de deux lignées divergentes de riz sauvages (17). Également, les hybridations avec les riz sauvages postérieures à la domestication et l'acquisition de caractères nouveaux par sélection-mutation ont contribué à cette diversité.

La diversité génétique des riz est à considérer différemment selon les zones concernées. Quand les formes cultivées et spontanées coexistent, il y a couplage et coévolution favorisée par des flux de gènes et la sélection paysanne pratiquée dans des agro-écosystèmes variés. En revanche, en Afrique, les formes cultivées introduites d'Asie ont subi un effet de fondation par migration et se sont trouvées coupées des flux géniques avec leurs progéniteurs. Néanmoins, l'introduction du riz asiatique à des époques variées en Afrique et à Madagascar ne s'est pas traduite par une diminution globale de la diversité génétique (11). La fréquence des génotypes intermédiaires est plus importante et est associée à de nouveaux types morphophysiologiques (12). Les phénomènes d'hybridation ont été également très actifs, entretenant une diversité élevée et permettant la sélection de très nombreux cultivars locaux adaptés (groupe *japonica* tropical cultivé en pluvial, variétés *indica* en zones inondées). La dynamique de la gestion de ces cultivars par les paysans (sélection dans les zones de contact entre les sous-espèces, échanges de variétés dans les communautés paysannes, nombre important de cultivars manipulés) semble finalement être une garantie de production dans des environnements plus

ou moins favorables et le plus souvent non contrôlés. En revanche, les hybridations avec les riz sauvages, même si elles sont possibles et identifiables par les marqueurs isozymiques semblent avoir été beaucoup plus limitées qu'en Asie, essentiellement parce que la barrière reproductive séparant *Oryza longistaminata* Chevalier et Roschevicz est particulièrement développée (7).

#### 4. MÉTHODOLOGIES DE CONSERVATION ET DE GESTION DES RESSOURCES GÉNÉTIQUES

Les ressources génétiques végétales conservées prennent de la valeur ajoutée par leur évaluation, leur gestion et leur utilisation. Pour atteindre de tels objectifs, l'ORSTOM participe au développement des études et des méthodologies suivantes :

1) la constitution de collections réduites (*core collections*) représentatives de la variabilité des grandes collections de base chargées de la conservation *ex situ* ;

2) la cryoconservation des espèces à graines récalcitrantes et/ou à multiplication végétative, situation très courante chez les espèces tropicales ; la technique d'encapsulation - déshydratation a été testée avec succès sur des apex de caféier et de manioc, sur des embryons immatures de cocotier et des embryons somatiques de palmier à huile (6) ;

3) la conservation *in situ* dans des zones protégées : cette stratégie sera illustrée par l'exemple des caféiers en Afrique ;

4) l'utilisation des marqueurs moléculaires pour la conduite de l'introgression des gènes d'intérêt agronomique et de l'apomixie.

##### 4.1. La constitution de collections réduites (*core collections*)

Suite aux campagnes de collecte systématique réalisées depuis 30 ans sous l'impulsion de la FAO et de l'IBPGR, les grandes banques de gènes chargées de la conservation *ex situ* ne peuvent assurer l'évaluation, la régénération et la diffusion du matériel végétal, ce qui limite son utilisation. Frankel et Brown (5) proposèrent la constitution d'une collection de moindre effectif, représentative de la diversité de la collection de base, appelée *core collection*.

En s'appuyant sur le modèle des allèles neutres, il a été montré que 10 % de la collection de base et un maximum de 2 000 à 3 000 individus permettent de conserver environ 80 % des allèles. Pour faire face à l'afflux des demandes de matériel végétal, l'ORSTOM a élaboré une *core collection* pour un légume tropical, le gombo, et récemment pour le complexe d'espèces des caféiers (9). Plusieurs possibilités de stratification préalable de la collection ont été suggérées selon l'organisation de la variabilité en groupes d'après l'origine géographique, les données taxonomiques, les marqueurs génétiques, les caractères qualitatifs et

quantitatifs, les conditions écologiques, le mode de reproduction. En fait, pour la grande majorité des obtenteurs de *core collection*, le but principal est d'éviter les redondances de génotypes ou doublons (rares chez les allogames, ils sont très fréquents chez les autogames et deviennent la règle chez les espèces apomictiques ou à multiplication végétative) et de maximiser la variabilité de l'échantillon.

La taille de chaque sous-échantillon représenté dans la *core collection* peut être déterminée de différentes façons : 1) le même nombre d'accèsions dans chaque groupe ; 2) un nombre proportionnel à la taille du groupe ou 3) un nombre proportionnel au logarithme de la taille du groupe. Cette troisième solution constitue un bon compromis limitant la relation supposée entre la diversité du groupe et son effectif. En fait, cette relation dépend du mode de reproduction et de l'importance économique du groupe (espèce cultivée ou espèce affine). **Noirot et al.** (13) ont proposé un mode d'échantillonnage original, la méthode en "*Principal Component Score*" qui maximise la diversité et limite la redondance, et l'ont validé sur la collection des caféiers.

#### 4.2. La conservation *in situ*

Le concept de conservation *in situ* correspond à l'idée de conserver les ressources génétiques selon un processus qui reproduirait ou maintiendrait les conditions qui ont conduit à la diversité génétique actuelle. L'étude des populations sauvages et cultivées de caféiers permet d'éclairer ce débat.

Les caféiers de l'espèce *Coffea canephora* Pierre ex Froehner ont une large distribution dans la zone forestière tropicale africaine. L'étude des populations sauvages a permis de montrer que cette espèce est structurée en deux grands groupes génétiques (1). La distinction entre groupes se base sur la présence d'allozymes fixés et différents. Ces groupes ont été nommés congolais et guinéen pour rappeler leur origine géographique. C'est à partir des représentants du groupe congolais que la diffusion de l'espèce *C. canephora* a été faite au niveau mondial. En Côte-d'Ivoire, la situation est intéressante : il existe dans ce pays des caféiers de cette espèce d'origine sauvage type guinéen, mais la majeure partie des caféiers cultivés a été introduite du centre de l'Afrique au début de ce siècle. Du fait de leurs différences au niveau génétique, on dispose d'un système de marquage qui permet d'étudier la participation des deux groupes génétiques, dans les plantations et au cours du processus de sélection variétale.

À partir de l'observation d'une population sauvage de *C. canephora* dans une réserve forestière (Forêt de l'Ira), on constate une confrontation entre plantes d'origine locale (type guinéen) et pollen provenant des formes cultivées (type congolais) proches de la réserve forestière. En effet, dans la descendance d'un caféier entouré d'autres caféiers sauvages, on a obtenu une plante hybride sur 20, alors que la descendance d'un caféier plus isolé a donné 10 plantes hybrides sur 24 analysées. Il y a donc une diffusion du pollen en forêt sur des distances de un à deux kilomètres et des migrations génétiques importantes entre populations. Les

flux de gènes sont modulés par la distribution spatiale des arbres dans la population et par leur système d'incompatibilité.

À partir de cet exemple et de l'étude d'autres populations de caféiers en forêt, on peut faire les commentaires suivants :

- les caféiers spontanés sont abondants dans de nombreuses forêts tropicales et leur nombre est sans commune mesure avec le nombre d'arbres qui sont ou pourraient être conservés dans des collections *ex situ*. La déforestation met toutefois en danger la survie des caféiers en dehors des zones protégées mises en place en Afrique tropicale et à Madagascar ;

- la déforestation à grande échelle dans de nombreuses régions forestières conduit à une structure discontinue de la forêt en îles et îlots. Même si des réserves forestières sont constituées, les échanges génétiques entre populations sauvages de caféiers seront beaucoup plus limités qu'auparavant et leur évolution s'en trouvera modifiée ;

- les échanges de matériel végétal intra- ou intercontinentaux permettent le contact entre des groupes génétiques différenciés. Dans le cas des caféiers *C. canephora* en Côte-d'Ivoire, il sera de plus en plus difficile de conserver l'intégrité génétique actuelle des caféiers sauvages, car des événements d'hybridation entre les deux groupes sauvage et cultivé se produisent de plus en plus fréquemment ;

- de cette manière, apparaissent, dans les populations sauvages, de nouvelles associations géniques qui seront testées dans ce même milieu. Dans ce cas, la conservation *in situ* ne permet pas le maintien d'une situation antérieure, mais elle fournit des possibilités nouvelles d'évolution et pourrait être une source de nouveau matériel génétique pour la sélection.

#### **4.3. L'application des marqueurs moléculaires à l'évaluation des ressources génétiques**

Le développement des marqueurs moléculaires et principalement de ceux issus du polymorphisme de longueur des fragments de restriction (PLFR) permet de disposer d'un nombre de marqueurs beaucoup plus grand. L'image de la diversité génétique globale reste similaire à celle révélée par les isozymes et confirme la cohérence de la structure mise en évidence auparavant. Néanmoins, l'échantillonnage de locus obtenu par les marqueurs du PLFR permet d'obtenir, dans le cas des origines polyphylétiques, une précision inégalable par quelques marqueurs isoenzymatiques.

Les liaisons génétiques et la localisation chromosomique des marqueurs isozymiques ont permis d'établir des cartes de liaison génétique. Dans cet objectif, un rétrocroisement interspécifique entre *O. sativa* et *O. longistaminata* a été développé pour être cartographié en collaboration avec l'Université Cornell. En garantissant un taux de polymorphisme exceptionnel, cette population a permis de développer la première carte de liaisons génétiques complète avec 12 groupes de liaison correspondant aux 12 chromosomes du riz (2).



Cette carte permet d'ores et déjà d'analyser l'organisation de la diversité génétique le long des chromosomes : le regroupement des marqueurs monomorphes sur les chromosomes d' *O. sativa* indique vraisemblablement que des zones ont été homogénéisées au cours de la domestication ; de même, les marqueurs *indica* et *japonica* montrent une tendance à se regrouper en donnant aux chromosomes de riz l'aspect d'une mosaïque de segments. Ceci vient conforter le modèle d'une domestication du riz cultivé asiatique à partir de deux lignées divergentes (18).

## 5. PERSPECTIVES

Les activités de l'ORSTOM sur les ressources génétiques végétales ont contribué à l'enrichissement des banques de gènes et à une meilleure connaissance de la diversité génétique des complexes d'espèces cultivées tropicales. La démarche adoptée a privilégié l'analyse de la structuration et de l'organisation de cette diversité génétique intégrée dans son contexte évolutif.

Cette approche fournit les bases biologiques et génétiques indispensables au développement des recherches dans différents domaines.

1) La systématique des plantes cultivées et des espèces sauvages apparentées ne peut se suffire du concept d'espèce morphologique, unité taxinomique, dénommée et identifiée à l'aide d'une clef, car elle ne rend guère compte des équilibres dynamiques qui se sont mis en place chez les espèces cultivées depuis leur domestication. Les outils et les bases biologiques d'une taxinomie moderne sont largement accessibles.

2) La conservation et la gestion des ressources génétiques selon la stratégie définie par l'IBPGR dans les années soixante-dix étaient basées sur le tryptique "collecte, évaluation, conservation *ex situ*". Ce mode de conservation statique de la diversité génétique s'avère efficace à court terme, surtout s'il est relayé par l'établissement de *core collections* largement diffusées. Mais, pour assurer l'avenir de l'amélioration variétale à long terme, les généticiens proposent de réaliser une conservation dynamique des ressources génétiques cultivées (4). La méthode adoptée consiste à multiplier, sous des pressions de sélection agro-écologiques très différenciées, des populations hétérogènes créées artificiellement par croisement ou mélange d'un grand nombre d'accessions. Ce mode de conservation est attractif pour les sélectionneurs, car il permet à tout moment d'évaluer l'intérêt agronomique de matériel génétique nouveau et d'extraire des populations pour une sélection récurrente.

3) La conservation *in situ* concerne les formes spontanées dans leurs écosystèmes naturels ; elle s'adresse aussi aux formes cultivées dans leurs agrosystèmes car elle maintient leur dynamique évolutive dans leurs zones de diversité. Quelques exemples de cette stratégie sont mis en œuvre : la création de réserves forestières en Europe pour les essences autochtones majeures, l'organisation de la conservation des cultivars de maïs au Mexique et de riz dans le sud-est asiatique. Il s'agit aussi, dans ce contexte, d'estimer l'impact potentiel des flux de gènes provoqués par

l'introduction de populations allochtones et la diffusion de variétés améliorées, en particulier si elles sont issues du génie génétique.

4) L'élargissement de la base génétique des cultivars est focalisé sur des caractères agronomiques utiles (résistance aux maladies, qualité du produit...). Ces introgressions de gènes issus de formes sauvages et cultivées appartenant au même complexe d'espèces sont grandement facilitées par les recherches sur l'organisation des génomes, l'établissement de cartes génétiques et l'identification de sondes c DNA associées à l'expression de gènes d'intérêt. Il y a une réflexion à développer pour exploiter la "diversité utile" des ressources génétiques, car l'utilisation des marqueurs moléculaires cartographiés devrait fournir une aide précieuse pour :

- sortir des restrictions imposées à la recombinaison par des ensembles de gènes fortement organisés, associés à des syndromes particuliers de domestication, de reproduction, d'adaptation ;
- caractériser la valeur phénotypique de petits fragments chromosomiques bien déterminés dans des fonds génétiques différents ;
- favoriser l'identification de zones chromosomiques particulières ayant un effet quantitatif sur un caractère donné (*quantitative trait loci*).

En conclusion, les ressources génétiques ont contribué de façon constante à la sélection par les agriculteurs des pays tropicaux de cultivars locaux adaptés. Mais elles sont aujourd'hui menacées par l'anthropisation rapide des milieux et la déforestation ainsi que par un changement climatique global. Les ressources génétiques collectées et conservées participent de façon originale et significative à un développement agricole durable, car elles permettent la création de variétés prenant en compte les problèmes de l'environnement et les zones écologiquement fragiles. Les objectifs de sélection privilégient la sélection de cultivars stables, peu exigeants en intrants, tolérants aux contraintes abiotiques et résistants aux maladies et parasites, évolution qui concerne aussi l'agriculture des régions tempérées.

#### RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- (1) BERTHAUD J. et CHARRIER A., 1988. – Genetic resources of coffee. In Clarke R.J. Coffee, Vol. 4, Agronomy. Elsevier (Londres), 1-42.
- (2) CAUSSE M., FULTON T., CHO K., AHN N., WU K., XIAO J., CHUNGWONGSE J., YU Z., RONALD P., HARRINGTON, SECOND G., MC COUCH S., TANKSLEY S., 1994. – Molecular map of the rice genome based on an interspecific back cross population (*en préparation*).
- (3) CHARRIER A. et HAMON S., 1991. – ORSTOM activities on Genetic resources during the last 10 years. In Crop Genetic Resources of Africa edited by F. ATTERE, H. ZEDAN, N.Q. NG and P. PERRINO, printed by Ebenezer Baylis, The Trinity Press, U.K. 1991. Vol. II, 41-52.
- (4) DAVID J., SAVY Y., TROTTET M. et PICHON M., 1992. – Méthode de gestion dynamique de la variabilité génétique. Exemple d'un réseau expérimental de populations composites de blé tendre. In : Proceedings of the Colloque international en hommage à Jean Pemès, 8-10 January 1992, Paris, France, 337-350.
- (5) FRANKEL O. H. et BENNETT E., 1984. – Current plant genetic resources - A critical appraisal. In *Genetics new Frontiers*. Proc. of XV Int. Congress of Genetics. Oxford - IBH Publishing Co 4, 3-13.
- (6) ENGELMANN F., 1991. – *In vitro* conservation of tropical plant germplasm - a review. *Euphytica*, 57, 227-243.
- (7) GHESQUIÈRE A., 1991. – Reexamination of the genetic control of the reproductive barrier between *O. longistaminata* and *O. sativa* and relationship with the rhizome expression. In Rice genetic II. Proc. of the 2<sup>nd</sup> Int. Rice Genet. Symp. IRRI, Los Banos, Philippines. 14-18 mai 1990, 729-730.
- (8) GLÄSZMANN J.C., 1987. – Isozymes and classification of Asian rice varieties. *Theor. Appl. Genet.*, 74, 21-30.
- (9) HAMON S., NOIROT M. et ANTHONY F., 1994. – Developing a coffee core collection using the principal components score strategy with quantitative data. Core collections of Plant Genetic Resources. Ed. by HODGKIN, A.H.D. BROWN, T.J.L. VAN HINTUM and E.A.V. MORALES (IBPGR) A. Wiley-Sayce Publication, 117-126.

- (10) HARLAN J.R., 1975. – Crops and Man. American society of agronomy, Crop Science Society of America. (eds.) 291 p..
- (11) KOCHKO (de) A., 1987. – Isozymic variability of traditional rice varieties (*Oryza sativa* L.) in Africa. Theor. Appl. Genet., **73**, 675-682.
- (12) MIEZAN K. et GHESQUIÈRE A., 1986. – The genetic structure of African traditional rice cultivars. In Rice Genetic. Proc. of the 1<sup>st</sup> Int Rice Genet Symp. IRRI, Los Banos, Philippines. 27-31 mai 1985, 91-107.
- (13) NOIROT M., HAMON S. et ANTHONY F. – Component scoring : A new method of constituting a core collection using quantitative data. Genetic Resources and Crop Evolution, (sous presse).
- (14) SAVIDAN Y. et PERNÈS J., 1982. – Diploid-tetraploid cycles and the evolution of *Panicum maximum* Jacq. Evolution, **36**, 596-600.
- (15) PERNÈS J. *et al.*, 1984. – Gestion des ressources génétiques des plantes. Tome II, Manuel. ACCT, Paris (Éd.), 346 p..
- (16) SECOND G., 1982. – Origin of the genetic diversity of cultivated rice (*Oryza* spp.) : study of the polymorphism scored at 40 isozyme loci. Jpn. J. Genet., **57**, 25-57.
- (17) SECOND G., 1985. – Evolutionary relationships in the *Sativa* Group of *Oryza* based on isozyme data. Génét. Sé. Evol., **17-1**, 89-114.
- (18) SECOND G. et GHESQUIÈRE A., 1995. – Cartographie des introgressions réciproques entre les sous-espèces *indica* et *japonica* de riz cultivé (*Oryza sativa* L.). Colloque Marqueurs Moléculaires, Montpellier, 27-30 mars 1994. Les Colloques de l'INRA (sous presse).

**M. Cauderon.** – Les caractéristiques du sol et la répartition sur le terrain de la diversité du monde vivant (qu'il s'agisse des espèces sauvages ou cultivées, ou de leurs écotypes) sont évidemment liées. Les deux chercheurs qui viennent de traiter des ressources en sols et des ressources biologiques peuvent-ils donner quelques commentaires sur les réalités et les perspectives d'enrichissement mutuel des approches de la pédologie et de la génétique ?

**M. Charrier.** – Du point de vue de la génétique des populations, la répartition de la diversité des espèces végétales sauvages et cultivées est analysée par rapport aux variations éco-géographiques. Les caractéristiques des sols font évidemment partie des facteurs écologiques influençant l'adaptation et la sélection des plantes, mais elles sont rarement prises en compte isolément. Ainsi, le sélectionneur utilise un dispositif d'essais variétaux multiloceaux dont chaque site est caractérisé par la nature des sols, les conditions climatiques, les contraintes biotiques et abiotiques ; il y a souvent débat sur les procédures de caractérisation du milieu les plus pertinentes. Un autre exemple de relation des approches agro-pédologie et génétique a été esquissé dans mon exposé : les travaux de G. **Bezanon**, A. **Ghesquière** et K. **Miezan** sur les cultivars de riz en Afrique montrent l'influence des types de riziculture (d'après la nature des sols et le contrôle de l'eau) sur la structuration de la diversité génétique et les caractères agromorphiques.

En conclusion, un enrichissement mutuel de deux approches pédologie et génétique est à développer sur des thèmes communs se rapportant à l'agro-écologie et à la conservation *in situ* de la biodiversité et des ressources génétiques végétales.