

ACADEMIE DE RENNES

ENSA DE RENNES

THESE

présentée devant

L'ECOLE NATIONALE SUPERIEURE AGONOMIQUE DE RENNES

POUR OBTENIR LE TITRE DE DOCTEUR DE L'ENSAR

par

**BARRY Mamadou Billo**

**DIVERSITÉ ET DYNAMIQUE DES VARIÉTÉS LOCALES  
DE RIZ (*O. SATIVA & O. GLABERRIMA*) EN GUINÉE  
CONSÉQUENCES POUR LA CONSERVATION  
DES RESSOURCES GÉNÉTIQUES**

N°2006-24

Serie A-48

Soutenue publiquement le 28 septembre 2006 devant le jury composé de :

Grégoire THOMAS, Professeur, ENSA de Rennes  
Alain GHESQUIERE, HDR, IRD Montpellier  
Philippe BRABANT, HDR, INA-PG Paris  
Joëlle RONFORT, HDR, INRA Mauguio  
Jean-Marc BARBIER, INRA Montpellier  
Nourollah AHMADI, CIRAD Montpellier

Président  
Directeur de thèse  
Rapporteur  
Rapporteur  
Examineur  
Co-directeur de thèse

## TABLE DES MATIERES

INTRODUCTION.....	9
1 Problématique de la thèse : conservation des ressources phylogénétiques .....	11
1.1 Approches de conservation.....	11
1.1.1 Conservation <i>ex situ</i> .....	11
1.1.2 Conservation <i>in situ</i> .....	12
1.2 Utilisation de la diversité des plantes cultivées dans les agrosystèmes traditionnels ....	14
1.3 Dynamique des plantes cultivées dans les agrosystèmes traditionnels .....	15
1.3.1 Mutation.....	15
1.3.2 Sélection.....	15
1.3.3 Migration.....	17
1.3.4 La dérive génétique.....	18
2 Le riz.....	18
2.1 Le riz en Afrique .....	18
2.2 Le riz en Guinée .....	19
2.2.1 Les types de riziculture .....	20
2.2.2 Sélection et diffusion variétale .....	24
2.2.3 Concept utilisé dans cette thèse pour le terme "variété" .....	288
3 Objectif de la thèse.....	29
CHAPITRE II : RECENT EVOLUTION OF RICE VARIETAL DIVERSITY IN GUINEA. NEW PARAMETERS TO ASSESS <i>IN SITU</i> VARIETAL DIVERSITY IN CROP PLANT .....	31
Introduction .....	32
1. Matériels et méthodes.....	34
1.1. Echantillonnage des villages et des exploitations .....	34
1.2. Enquête sur la connaissance et l'utilisation des variétés de riz.....	34
1.3. Analyse des données.....	34
2. Résultats.....	38
2.1. La richesse variétale villageoise.....	38
2.2. Evolution du nombre de variétés cultivées .....	38
2.3. Taux d'utilisation des variétés .....	38
2.4. Diversité variétale régionale et nationale.....	41
3. Discussion.....	42
CHAPITRE III : PRATIQUES PAYSANNES DE GESTION DES SEMENCES ET DYNAMIQUE LOCALE DES VARIETES DE RIZ CULTIVEES EN GUINEE MARITIME .....	48
Introduction .....	48
1- Sites d'étude et méthodologie.....	49
1.1 La Guinée maritime .....	49
1.2 Echelles d'études et choix des sites d'enquêtes .....	50
1.2.1 Choix des villages étudiés à l'échelle région .....	50
1.2.2 Typologie des 15 villages étudiés à l'échelle de la région.....	51
1.2.3 Choix des villages contrastés et des exploitations suivies .....	51
1.2.4 Présentations des deux villages contrastés.....	53
1.3 Inventaire et enquêtes sur les pratiques de gestion des variétés et des semences .....	53
1.3.1 Données socio démographiques .....	53
1.3.2 Inventaire, utilisation et acquisition des variétés.....	54
1.3.3 Système d'approvisionnement en semences .....	55
1.3.4 Reconduction des variétés d'une génération à une autre.....	55
1.4 Méthodes d'enquête.....	55
2- Résultats.....	58

2.1	Distribution de la diversité variétale à l'échelle de la région.....	58
2.2.1	Les deux espèces cultivées.....	58
2.2.2	Répartitions des noms de variétés.....	58
2.3	Variabilité de la diversité variétale entre villages.....	58
2.4	Variabilité de la diversité variétale entre exploitations.....	60
2.5	Distribution des variétés dans les villages.....	61
2.6	Dynamique temporelle de la diversité variétale.....	68
2.6.1	Variation temporelle de la diversité variétale.....	68
2.6.2	Origine des variétés cultivées.....	71
2.6.3	Critères de sélection des variétés cultivées.....	75
3-	Discussion.....	78
3.1	Richesse variétale et maintien d' <i>O. glaberrima</i> .....	78
3.2	Importance relative des variétés.....	79
3.3	Introduction, maintien et diffusion des variétés.....	80
<b>Chapitre IV : GENETIC DIVERSITY OF THE TWO CULTIVATED RICE SPECIES (<i>O. SATIVA</i> &amp; <i>O. GLABERRIMA</i>) IN MARITIME GUINEA. EVIDENCE FOR INTERSPECIFIC RECOMBINATION.</b>		84
Introduction.....		85
1.	Materials and methods.....	85
1.1	Plant collection.....	85
1.2	Genotyping.....	88
1.3	Phenotyping.....	88
1.4	Data analysis.....	88
2.	Results.....	88
2.1	Extent of the genetic diversity.....	88
2.2	Genotypic diversity.....	92
2.3	Phenotypic diversity.....	92
2.4	Agreement between genotypic and phenotypic structure patterns.....	93
3.	Discussion.....	93
<b>CHAPITRE V : IMPLICATIONS FOR <i>IN SITU</i> GENETIC RESOURCE CONSERVATION FROM THE ECOGEOGRAPHICAL DISTRIBUTION OF RICE GENETIC DIVERSITY IN MARITIME GUINEA.</b>		98
Introduction.....		99
1.	Material and methods.....	102
1.1.	Plant collection.....	102
1.2.	Genotyping.....	102
1.3.	Data analysis.....	102
2.	Results.....	104
2.1.	Consistency of name of accessions.....	104
2.2.	Genetic diversity.....	105
2.3.	Ecogeographical structure of genetic diversity.....	107
3.	Discussion.....	107
3.1.	Importance of rice genetic diversity.....	107
3.2.	Varietal diversity managed by farmers.....	107
3.3.	Eco-geographical distribution of genetic diversity.....	108
<b>CHAPITRE VI : DIVERSITE GENETIQUE DES RIZ CULTIVES (<i>O. SATIVA</i> ET <i>O. GLABERRIMA</i>) AUX NIVEAUX DU CHAMP PAYSAN, DE L'EXPLOITATION AGRICOLE ET DU VILLAGE EN GUINEE, EVALUEE PAR LES MARQUEURS SSR.</b>		112
Introduction.....		113
1.	Matériel et méthode.....	115
1.1.	Choix des villages d'étude et leurs principales caractéristiques.....	115
1.2.	Choix des exploitations.....	115
1.3.	Echantillonnage des variétés de riz.....	115
1.4.	Caractérisation de la diversité génétique.....	116

2.	Résultats.....	119
2.1.	Le matériel végétal collecté.....	119
2.2.	Diversité intra-variétale des variétés locales.....	119
2.2.1.	Structure génétique des variétés locales.....	119
2.2.2.	Consistance entre le nom et le génotype des accessions.....	119
2.3.	Diversité génétique présente dans une exploitation agricole.....	122
2.3.1.	Etendue et variabilité de la diversité génétique.....	122
2.3.2.	Différenciation génétique liée aux exploitations.....	123
2.4.	Répartition de la diversité génétique entre niveaux d'échantillonnage.....	123
3.	Discussion.....	125
3.1.	Importance et structure de la diversité génétique intra-variétale.....	125
3.2.	Diversité gérée par les exploitations et partition de la diversité au sein du village.....	127
CHAPITRE VII : ANALYSE DE L'EVOLUTION TEMPORELLE (1979/82 – 2003) DE LA DIVERSITE		
GENETIQUE DU RIZ DANS 6 VILLAGES DE LA GUINEE MARITIME BASEE SUR LES NOMS DES VARIETES		
ET LES MARQUEURS MOLECULAIRES.....		
	Introduction.....	132
1.	Matériels et méthodes.....	133
1.1.	Périodes et Sites d'étude.....	133
1.2.	Modalité de collecte des échantillons.....	133
1.3.	Matériel végétal.....	134
1.4.	Génotypage.....	135
1.5.	Analyse des données.....	135
2.	Résultats.....	137
2.1.	Nombre de variétés par village et variétés communes aux 2 dates de collecte.....	137
2.2.	Diversité génétique au niveau des 6 villages.....	137
2.3.	Diversité génétique dans le village de Kifinda.....	140
3.	Discussion.....	141
3.1.	Relation entre diversité génétique, nombre de variétés collectées et nombre de variétés recensées.....	141
3.2.	Différenciation des variétés au cours du temps.....	142
	Conclusion.....	142
DISCUSSION GÉNÉRALE ET CONCLUSION.....		
1.	Rappel des principaux résultats.....	146
1.1.	Variétés cultivées et leur utilisation par les paysans.....	146
1.2.	Structures génétiques et gestion des variétés locales.....	147
1.3.	Distribution écotopographique de la diversité génétique.....	148
1.4.	Evolution de la diversité génétique et risque d'érosion génétique.....	148
2.	Conservation des ressources génétiques.....	149
2.1.	Pourquoi conserver ?.....	149
2.2.	Quelle diversité conserver ?.....	149
2.3.	Comment conserver ?.....	150
2.4.	Conservation ex situ.....	150
2.5.	Conservation à la ferme.....	151
2.5.1.	Stratégie : conservation et développement agricole.....	151
2.5.2.	Sélection des sites.....	153
2.5.3.	Proposition d'actions à mettre en œuvre pour la conservation à la ferme.....	154
3.	Observatoire de l'évolution <i>in situ</i> des ressources génétiques.....	157
	BIBLIOGRAPHIE.....	159
	Annexes.....	164

## REMERCIEMENTS

Je remercie tout d'abord les responsables de l'IRAG, en particulier Sékou CISSE, ex-DG, Sékou BEAVOGUI DG et Boubacar DIALLO responsable des ressources humaines de m'avoir permis de faire cette thèse. Qu'ils trouvent ici ma sincère reconnaissance de leur soutien tout au long de ces années de thèse.

Je veux adresser tous mes remerciements au professeur Grégoire THOMAS pour m'avoir accepté dans le DEA « Génétique, adaptation et productions végétales ».

Je remercie Alain GHESQUIERE d'avoir accepté de diriger cette thèse et de son encouragement.

Je remercie la Coopération Française, l'IRD, le CIRAD et l'ADRAO pour leur soutien financier qui m'a permis de réaliser les travaux de terrain en Guinée et de laboratoire à Montpellier.

Nour AHMADI, son engagement, sa rigueur et le temps qu'il a consacré à ce travail ont contribué de manière déterminante à l'aboutissement de cette longue aventure, qu'il trouve ici ma reconnaissance et mes vifs remerciements.

Je remercie infiniment Jean-Louis PHAM d'avoir participé à l'encadrement de cette thèse, de son aide précieuse par ses commentaires et suggestions forts judicieux.

J'exprime toute ma sympathie à toutes les personnes du laboratoire de BIOTROP qui m'ont aidé et facilité mes manipulations. Je remercie en particulier Claire BILLOT, Brigitte COURTOIS et Jean-Louis NOYER pour leur assistance lors du génotypage et du traitement des données.

Je reste reconnaissant à l'endroit des collègues chercheurs de l'ADRAO pour leur collaboration et leur soutien, particulièrement Aliou DIAGNE, Robert GUEÏ et Marie-Josée SOGBOSSI.

Je remercie les membres du jury, plus particulièrement Joëlle RONFORT et Philippe BRABANT d'avoir accepté de juger ce travail de thèse et d'être rapporteurs.

Je tiens à remercier Oumar BAH qui m'a assisté sans relâche à tous les travaux de terrain sous la pluie ou le soleil, dans la boue et sur les routes difficiles.

Mes remerciements vont également à l'endroit des paysans pour leur disponibilité à mes multiples interviews et pour avoir fourni le matériel végétal étudié.

Merci à tous mes collègues et amis de l'IRAG et du laboratoire BIOTROP pour leur soutien. Je leur exprime ma profonde sympathie et leur souhaite beaucoup de bien.

A tous ceux qui, de près ou de loin, ont contribué à cette thèse, qu'ils trouvent ici mes sincères remerciements.

Je ne saurais terminer cette partie sans penser à mon cher ami, feu Daouda SOUARE, qui a supervisé les travaux d'expérimentation à la station de Koba et qui n'a pas pu, malheureusement, connaître la fin de cette thèse, paix à son âme, amin.

Enfin, je dédie ce travail à mes épouses, à mes enfants, à mes parents et à mes frères qui ont dû souffrir de mon absence pendant ces années particulières.

## LISTE DES ABREVIATIONS

ADRAO	Association pour le Développement de la Riziculture en Afrique de l'Ouest
AFLP	Amplified Fragment Length Polymorphism
AMOVA	Analyse hiérarchique de la Variance Moléculaire
ANOVA	Analyse de Variance
BCEPA	Bureau Central d'Etudes et de Planification Agricole
BIOTROP	Laboratoire de Biotechnologie des plantes Tropicales
CBSS	Community Based Seed System
CIRAD	Centre de coopération International en Recherche Agronomique pour le Développement
CA	Cultures Annuelles
Cap	Correspondence Analysis phenotypic
CK	Centre de Kilissi
DM	Diked mangrove rice
DYNAFIV	Dynamisation de la Filière Vivrière
FAO	Organisation mondiale pour l'Alimentation et l'Agriculture
FG	Guinée Forestière
FWLL	Fresh water lowland
MG	Moyenne Guinée
UG	Haute Guinée
LG	Basse Guinée
Na	Nombre moyen d'allèles par locus
NKDV	Number of known distinct varieties
NCDV	Number of cultivated distinct varieties
IBPGR	International Board for Plant Genetic Resources
IPGRI	International Plant Genetic Resources Institute
IDESSA	Institut des Savanes (Côte d'Ivoire)
IITA	International Institute for Tropical Agriculture (Nigeria)
IRAG	Institut de recherche agronomique de Guinée
IRAT	Institut de recherche Agronomiques Tropicales et Des Cultures Vivrières
IRD	Institut de Recherche pour le Développement
IRRI	International Rice Research Institute
LPDA	Lettre de politique de développement agricole
NERICA	New rice for Africa
ONADER	Office nationale de Développement de la Riziculture
ORSTOM	Office d la recherche Scientifique et Technique Outre Mer
ORS	Opération Riz Siguir
PAG	Projet Agricole Gueckédou
PDRI GM	Programme de Développement de la Riziculture Irriguée en Guinée Maritime
SG2000	Sassakawa global 2000
SMIAR	Système Mondial d'Information et d'Alerte
SNPRV	Service national de la promotion rurale et de la Vulgarisation
SNRA	Service National de Recherche Agronomique
ONG	Organisation Non Gouvernementale
LLE	Lowland ecosystem
LPDA 2	Lettre de Politique de Développement Agricole N°2
PASAL	Programme d'Appui à la Sécurité Alimentaire
PDR/GM	Projet de Développement Rural de la Guinée maritime
PPVA	Projet Pilote de Vulgarisation Agricole

RUL	Rainfed upland rice in slash and burn system
UMR DGPC	Unité Mixte de Recherche : Diversité et Génome des Plantes Cultivées
UMR PIA	Unité Mixte de Recherche : Polymorphismes d'Intérêt Agronomique
ULE	Upland ecosystem
UR	Unité de recherche
UDM	Undiked mangrove rice
VEI	Village Ecosystème Inondé
VEP	Village Ecosystème Pluvial
WARDA	West Africa Rice Development Association



## INTRODUCTION

Avec l'avènement de l'agriculture intensive dans les pays développés et dans certains pays en voie de développement, de nombreuses variétés traditionnelles ont été remplacées par un petit nombre de variétés modernes à base génétique restreinte. Cette agriculture intensive, avec ses variétés à haut rendement, est un succès sur le plan scientifique et sur le plan alimentaire. Elle a énormément contribué à la production alimentaire mondiale et à résoudre de graves problèmes alimentaires à partir des années 1970 (FAO, 1996). Pourtant, cette pratique a mené à une sérieuse « érosion génétique », une perte de variétés traditionnelles dans les agrosystèmes (Singh, 1999). L'utilisation d'un nombre très réduit de variétés modernes en monoculture, à grande échelle, a entraîné aussi une augmentation des problèmes de maladies et de vulnérabilité des écosystèmes (Qualset *et al.*, 1997). Cette situation attire l'attention de la communauté internationale sur la nécessité de réagir pour mettre à l'abri les ressources génétiques encore maintenues dans les agrosystèmes non perturbés par l'agriculture intensive. Un vaste programme de prospection et de collecte de ressources génétiques des plantes majeures fût entrepris dans les années 1970 par la communauté internationale sur toute la planète sous l'égide de l'International Plant Genetic Resources Institute (IBPGR). Ces collections sont conservées dans des banques de gènes, essentiellement sous forme de graines, préservées à basse température. Avec plus de 1000 banques de gènes (FAO, 1996), elle constitue actuellement la plus importante stratégie de conservation des ressources génétiques des plantes cultivées. Cependant, la conservation *ex situ* a plusieurs limites (Brush, 1995). Elle est statique en terme d'évolution parce qu'il n'y a plus d'adaptation par rapport aux changements des conditions environnementales. En plus, les semences conservées peuvent, à long terme, perdre leur viabilité. Par ailleurs, ces semences sont physiquement éloignées de leurs utilisateurs, en particulier les paysans qui les ont créés (Zhu *et al.*, 2003) et les barrières phytosanitaires et réglementaires constituent un frein de plus en plus important à ce retour.

Ces considérations provoquent de l'intérêt pour la conservation *in situ* des ressources génétiques (Louette, 1994) définie par Frankel (1976) comme « le maintien permanent d'une population dans la communauté dont elle fait partie, dans le milieu auquel elle est adaptée ». Cette stratégie est considérée comme complémentaire à la conservation *ex situ* et son application est largement soutenue par la communauté internationale (Altieri et Merrick, 1987 ; Brush, 1991 ; Zhu *et al.*, 2003). Selon les espèces, la conservation *in situ* peut se faire dans le champ du paysan, dans les terrains de parcours et dans les parcs nationaux ou autres types de réserve naturelle (FAO, 1989).

Depuis maintenant plus d'une décennie, la conservation à la ferme des plantes cultivées a pris une importance grandissante. Elle est définie par Bellon (1995) comme « la poursuite de la culture et de la gestion d'un ensemble de populations diverses par les paysans dans les agrosystèmes où elles ont évolué ». Elle nécessite de nouvelles activités de recherche dans les agrosystèmes conduisant à une mise au point des approches et des méthodes de mise en œuvre (Bellon *et al.*, 1997).

La conservation à la ferme des plantes cultivées repose sur le principe que les paysans utilisent chaque année plusieurs variétés et des semences issues de leurs champs ou de ceux de leurs voisins. De nombreuses études conduites dans les systèmes agricoles traditionnels montrent que ces pratiques sont bien réelles (Bellon, 1991 ; Brush *et al.*, 1992 ; Bellon et Brush, 1994 ; Sanou, 1996). Cependant, l'évolution économique a très souvent abouti à l'uniformisation variétale et à une division du travail qui fait de la production des semences

une activité à part. Les agrosystèmes traditionnels évolueront vers des systèmes agricoles modernes, par nécessité. Bellon (1995) souligne que tout programme de diffusion de variétés modernes doit être suivi de mesures de protection des variétés traditionnelles. Dans ce contexte, la conservation à la ferme des ressources génétiques devra aller de pair avec le développement agricole.

Les opérations de conservation à la ferme de la diversité génétique doivent être entreprises en priorité dans des régions qui hébergent une grande diversité. A cet égard, la Guinée, décrite par Portères (1956) comme un centre de diversification de l'espèce cultivée *O. glaberrima* et par Bezançon (1994) comme zone intéressante pour la conservation *in situ* des riz d'origine africaine, de part la grande diversité de ses écosystèmes rizicoles, présente un grand intérêt pour nous. En effet, les résultats des prospections conduites en 1979 (Bezançon et Koffi, 1979) et en 1982 (Kochko et Koffi, 1982) montrent que le riz est cultivé en Guinée de manière importante dans tout le pays avec un grand nombre de variétés, essentiellement de type traditionnel, appartenant aux deux espèces de riz cultivées *O. glaberrima* et *O. sativa*. Ces variétés ne sont pas pures, on trouve très fréquemment plusieurs types différents dans le même champ, de la même espèce ou d'espèces différentes. Elles sont cultivées les unes à côté des autres. Les deux espèces sauvages apparentées *O. longistaminata* et *O. breviligulata* sont présents à l'état naturel ou en adventices dans les rizières. Les variétés sont maintenues d'une génération à une autre par les paysans qui produisent eux-mêmes leurs semences avec la possibilité d'échange de semences à l'intérieur d'un village et entre villages. Ce qui suppose que la diversité génétique du riz de la Guinée est importante, peu perturbée par l'intensification et que les conditions d'évolution génétique y sont présentes mais, encore faut-il savoir ce qu'il faut conserver et comment le conserver.

L'objectif de ce travail est de connaître l'étendue, la structuration et la dynamique de la diversité génétique des variétés de riz cultivées en Guinée, *O. sativa* et *O. glaberrima*, et de comprendre comment cette diversité est gérée par les paysans.

En guise d'introduction générale, seront abordés la problématique de la conservation des ressources génétiques à la ferme, la culture de riz en Guinée et les objectifs de la thèse.

Dans la première partie nous analyserons la diversité variétale du riz en Guinée et la gestion traditionnelle des variétés et des semences. A l'échelle du pays, nous présenterons l'importance et la dynamique de la diversité variétale estimée par le nombre de variétés cultivées par village et par paysan et son évolution entre 1996 et 2001 dans chacune des quatre régions naturelles du pays. Ensuite, nous verrons comment les variétés et les semences sont gérées par les paysans, d'abord à l'échelle de la région Guinée maritime puis de manière plus approfondie dans deux villages contrastés, l'un en écosystème inondé et l'autre en écosystème pluvial.

Dans la deuxième partie de ce travail, nous aborderons la diversité génétique du riz en Guinée maritime évaluée par les marqueurs microsatellites et les caractères morfo physiologiques. Tout d'abord, l'étendue et la structuration éco-géographique de la diversité génétique de la région Guinée maritime seront présentées. Ensuite, nous exposerons la diversité génétique observée dans un village et dans une exploitation agricole ainsi que la structure génétique des variétés locales révélée par les marqueurs microsatellites. En dernier lieu, nous aborderons le problème délicat de l'érosion génétique par une discussion méthodologique.

**CHAPITRE I :**  
**CONSERVATION DES RESSOURCES PHYTOGENETIQUES, RIZ EN**  
**GUINEE ET OBJECTIF DE LA THESE**

# CHAPITRE I : CONSERVATION DES RESSOURCES PHYTOGENETIQUES, RIZ EN GUINEE ET OBJECTIF DE LA THESE

## 1 Problématique de la thèse : conservation des ressources phylogénétiques

### 1.1 Approches de conservation

Il est possible de conserver la diversité biologique, soit *ex situ* (hors site) dans une banque de gènes située en dehors de l'écosystème d'origine de la plante soit dans la nature, *in situ* (sur place), à la ferme, dans l'habitat naturelle de la plante.

#### 1.1.1 Conservation *ex situ*

La conservation *ex situ* est la préservation d'une composante de la diversité biologique en dehors de son habitat naturel sous formes de grains, de tissus, ou de cellules avec des moyens comme les banques de semences, les banques de gènes dans les champs ou en culture *in vitro* ou encore la cryoconservation (FAO, 1996).

Inquiète de ce que les variétés et pratiques agricoles modernes étaient en train de faire disparaître une bonne partie de la diversité biologique potentiellement utilisable par les paysans, la communauté internationale a été amenée, au début des années 70, à créer des banques de gènes destinées à conserver *ex situ* le matériel génétique composé de variétés locales et d'espèces sauvages apparentées aux plantes cultivées. Il existait à cette époque 8 banques de gènes au niveau mondial qui ne détenaient peut-être guère plus d'un demi million d'échantillons. Aujourd'hui, 1 308 banques de gènes sont enregistrées dans la banque de données du Système Mondial d'Information et d'Alerte Rapide (SMIAR), et la FAO (1996) estime qu'à l'échelle mondiale, 6,1 millions d'échantillons sont actuellement stockés dans des collections *ex situ*. Les fonctions essentielles de la conservation en banques de gènes sont de conserver les ressources génétiques, de les évaluer et de les mettre à la disposition des sélectionneurs (Plucknett *et al.*, 1987).

Les banques de gènes constituent des grands réservoirs de diversité et sources de gènes pour l'amélioration des plantes. Elles garantissent une certaine conservation et un accès facile pour les sélectionneurs et autres scientifiques. Cependant, la conservation *ex situ* pose des problèmes de stockage à long terme parmi lesquels nous citons. 1- La détérioration des installations, souvent construites dans des pays en développement par des pays donateurs qui n'ont pas pris d'engagement à long terme pour assurer l'entretien des installations (FAO, 1996). 2- L'absence d'études taxonomiques (FAO, 1996). 3- les ressources génétiques des plantes cultivées conservées *ex situ* n'ont été que très partiellement évaluées, ce qui rend difficile leur utilisation par les sélectionneurs (Morin *et al.*, 2002). 4- La régénération est pleine de difficultés (la viabilité des semences diminue avec le temps, la rejuvenilisation demande à être financée) et peut engendrer une certaine érosion génétique (Breese, 1989). Johnson *et al.* (2003) démontrent par exemple un potentiel élevé de dérive génétique pendant la régénération des populations de petite taille. 5- l'apparition de mutations est possible (Puchalski, 1991), phénomène tout de même peu fréquent. D'après les estimations de la FAO

(FAO, 1996), un million au moins d'acquisitions auraient sans doute besoin d'être régénérées. Très important encore, le matériel conservé est statique, il n'évolue donc pas, parce qu'il n'est pas soumis aux pressions de sélection naturelle et humaine (Pernes et Louard, 1984).

Il faut se demander aussi si les collections maintenues actuellement *ex situ* sont représentatives de la diversité qui existe *in situ*, elle-même en constante évolution. En effet, la FAO (1996) indique qu'aucun inventaire exhaustif des ressources phytogénétiques utiles à l'alimentation et à l'agriculture maintenues *in situ* et *ex situ* n'a été encore réalisé.

### 1.1.2 Conservation *in situ*

La conservation *in situ* est définie comme la préservation des espèces animales ou végétales dans leur habitat original, là où elles vivent de façon naturelle (Vernooy, 2003). Elle permet la préservation du processus évolutif qui garantit l'adaptation des espèces et favorise la création de nouvelle diversité (Bellon, 1996). C'est la solution qui était préconisée dans les années 1970-1980 par les écologistes protectionnistes et encouragée par le Plan Global d'Action de la FAO pour la conservation et l'utilisation des ressources génétiques pour l'Alimentation et l'Agriculture (FAO, 1996).

La conservation *in situ* peut se faire dans le champ du paysan, dans les terrains de parcours et dans les parcs nationaux ou autres types de réserve naturelle mais elle s'est longtemps limitée aux espèces récalcitrantes ou celles qui ne peuvent pas être régénérées en dehors de leur habitat naturel (FAO, 1989). La conservation *in situ* des plantes cultivées n'a été réellement envisagée en agrosystème que très récemment (FAO, 1991). Cette forme de conservation est désignée par « On-farm conservation » chez les anglo-saxons traduit en français par « conservation à la ferme ».

La conservation à la ferme des ressources génétiques des plantes cultivées est définie comme la poursuite de la gestion et de la culture de diverses variétés par les paysans dans les agro écosystèmes où elles ont évolué (Bellon, 1995 ; Brush, 1991 ; Bellon *et al.* 1997 ; Ortiz, 1999 ; Zhu, 2003). Cette stratégie est basée sur le principe que l'adaptabilité des variétés conservées *in situ* est maintenue parce qu'elles évoluent sous la pression de facteurs environnementaux et humains (Bellon, 1995). Les paysans ont, historiquement, développé et entretenu la diversité génétique des plantes cultivées : ce processus continue au niveau de nombreux paysans. La conservation à la ferme a pour but de renforcer ce processus. Bellon *et al.* (1997) rappellent que les paysans jouent un rôle fondamental dans le maintien de la diversité des plantes cultivées pour 2 raisons : 1- les variétés cultivées sont le résultat non seulement de facteurs naturels, telles que les mutations et la sélection naturelle, mais aussi et particulièrement de la gestion et de la sélection humaine ; 2- c'est la décision des paysans qui détermine si les populations sont maintenues ou abandonnées.

Louette (1994) distingue 3 approches de conservation à la ferme :

- La conservation statique des variétés et des cultures traditionnelles qui consiste à fixer le paysage génétique en figeant son environnement par le biais de parcs ou de réserves où l'introduction de variété étrangères est interdite, les pratiques culturales et la diversité des variétés traditionnelles et les formes sauvages apparentées seront isolées des perturbations du monde extérieur (Iltis, 1974). Cette forme de conservation est presque aussi statique que la conservation *ex situ* et est peu réaliste sur le plan économique et éthique (Pham *et al.*, 2002).

- La cohabitation entre variétés traditionnelles et variétés améliorées. Cette approche considère qu'il n'y a pas d'incompatibilité entre le maintien des variétés locales dans leur milieu, l'évolution des systèmes de production et de leur intégration aux marchés.
- L'approche qui consiste à associer la conservation et l'amélioration des variétés locales (Cooper *et al.*, 1992). L'objectif est d'encourager le maintien des variétés traditionnelles en améliorant leur performance. Cette approche est la plus proche des réalités de terrain parce que les paysans introduisent et expérimentent continuellement les variétés. Elle permettrait aux paysans de mieux accéder à la diversité génétique, de valoriser les ressources génétiques locales et d'améliorer leur approche expérimentale.

Les expériences de mise en œuvre de programmes de conservation à la ferme sont rares. Cela s'explique par le fait que la démarche est elle-même récente. Nous allons citer quelques exemples de programme de conservation à la ferme.

Les deux premiers sont tirés du *Rapport sur l'état des ressources phytogénétiques dans le monde* (FAO 1996) qui n'indique pas leurs objectifs et méthodes de mise en œuvre.

- En Ethiopie, les espèces traditionnelles des principales cultures vivrières : orge, pois chiche, sorgho et fève sont conservées à la ferme dans le cadre d'un programme entrepris par l'Institut national de diversité biologique, en coopération avec le Programme africain "Semences de survie" ;
- En Sierra Leone, un projet de conservation à la ferme des variétés de riz et d'autres cultures a été lancé récemment par l'Institut de recherche rizicole de Rokpur, dans le cadre du Programme communautaire de développement et de conservation de la biodiversité ;

Un programme de conservation à la ferme a été mis en place récemment dans la province de Yunnan en Chine (Zhu *et al.*, 2003) dans des systèmes de production de culture de riz moderne où les variétés de riz traditionnelles avaient complètement disparues. La démarche a consisté à réintroduire les variétés traditionnelles qui sont cultivées en intercalaire avec des variétés hybrides. Au préalable, la recherche a sélectionné des bonnes combinaisons de variétés traditionnelles et déterminé un modèle approprié pour la conduite de la culture. Les résultats obtenus semblent être très intéressants parce que, depuis l'adoption de cette forme de gestion en 1997, le nombre de variétés traditionnelles cultivées a considérablement augmenté et maintenant, même des variétés qui avaient formellement disparues sont cultivées. La surface cultivée en variétés traditionnelles a également augmenté. Les auteurs concluent que cette démarche est facilement applicable et lie les intérêts économiques des paysans à la conservation parce qu'elle requière l'usage de faible quantité d'intrants et permet des rendements élevés.

En Inde, un programme de conservation à la ferme a été lancé récemment par la fondation « Green Foundation » ([www.greenconserve.com](http://www.greenconserve.com)). Cette fondation a adopté une stratégie de distribution de semences de variétés traditionnelles gérées à la base par les paysans, suivi de campagnes de sensibilisation et d'informations sur le droit des paysans sur la biodiversité. Au total, 607 paysans vivant dans 95 villages au sud de Bangalore participent aux actions de ce projet, sans compter les nombreux fermiers qui se sont procuré leurs semences de manière informelle au centre de conservation. Les variétés traditionnelles de plantes cultivées réintroduites couvrent un éventail de plantes alimentaires comme le riz pluvial (41 variétés), le riz inondé (36 variétés), l'éleusine (70 variétés), le sorgho (10 variétés), le maïs (10 variétés), etc. Malgré les contraintes naturelles, économiques et politiques, la fondation « Green Foundation » a réussi à accroître la diversité des semences dans la région concernée

par le projet et conclu que la conservation à la ferme peut s'élaborer dans un projet commun par un partenariat entre les paysans, les scientifiques et les consommateurs, de manière à faire de la conservation de la biodiversité la base des pratiques agricoles.

Enfin, la conception et la mise en œuvre d'une opération de conservation à la ferme dépendent de l'état des ressources génétiques et du contexte local dans lequel elles évoluent.

## **1.2 Utilisation de la diversité des plantes cultivées dans les agrosystèmes traditionnels**

Il existe dans certaines régions du monde, des agrosystèmes dans lesquelles les paysans maintiennent encore de nombreuses variétés malgré la diffusion de nombreuses variétés améliorées (Bellon, 1991 ; Brush, 1992 ; Bellon et Taylor, 1993), même dans les centres économiques comme aux Philippines (Morin *et al.*, 2002), en Thaïlande (Denis, 1987), en Malaisie (Lambert, 1985) ou encore en Inde (Kshirsagar et Pandey, 1997).

Dans les agrosystèmes traditionnels, les paysans peuvent cultiver, à chaque saison, plusieurs variétés (traditionnelles et améliorées). A titre d'exemples, Salick *et al.* (1997) rapportent un nombre moyen de 5.9 variétés de manioc. Au Pérou, Brush (1991) observe qu'un paysan cultive, chaque année, en moyenne 9.6 variétés de pomme de terre. Chez le manioc en Amazonie Brésilienne, McKey *et al.* (2001) enregistrent de 2 à plus d'une dizaine de variétés cultivées par paysan. Bellon *et al.* (1998) de leur côté montrent que le nombre de variétés de riz cultivées par paysan en Thaïlande varie entre 1 et 4. Toujours chez le riz, Kshirsagar et Pandey (1997) constatent en Inde qu'un paysan peut cultiver chaque année entre 2 et plus de 10 variétés.

Le nombre de variétés cultivées par paysan est très généralement plus faible que le nombre de variétés présentes dans un village (Bellon *et al.* 1997) parce que les paysans d'un village ne cultivent pas toujours les mêmes variétés. Par exemple, Bellon (1991) identifie chez le maïs 15 variétés cultivées par village avec un nombre moyen de 2.5 variétés cultivées par paysan. Dennis (1987) observe chez le riz en Thaïlande un nombre moyen de 9.9 variétés cultivées par village avec seulement 1.7 variétés cultivées par paysan. Toujours en Thaïlande, Sirbanchongkran *et al.* (2004) rapportent que plus de 20 variétés de riz sont cultivées dans un village de l'écosystème pluvial où les systèmes de production sont principalement orientés vers la subsistance avec 3 à 4 variétés cultivées par paysan. Ces exemples montrent qu'une importante diversité variétale est maintenue *in situ*, dans les agrosystèmes traditionnels, une diversité gérée individuellement par les paysans et conservée collectivement à l'échelle communautaire. Ceci suggère que si le paysan est l'unité de base de la sélection et de la maintenance de la diversité, le village serait la plus petite échelle d'analyse de la diversité (Bellon *et al.* 1997 ; McKey *et al.* 2001).

La littérature montre que plusieurs raisons expliquent pourquoi les petits exploitants cultivent chaque saison plusieurs variétés. Bellon (1996) constate, par exemple, que les paysans ont un ensemble de préoccupations qui aident à expliquer pourquoi ils cultivent plusieurs variétés. Il classe ces préoccupations en 5 catégories majeures : 1- l'hétérogénéité environnementale (sol, température, inondation, etc.) ; 2- insectes et maladies ; 3- gestion des risques (sécheresse, inondation, etc.) ; 4- culture et rituelle et 5- alimentaire. Kshirsagar *et al.* (2002) montrent aussi que la diversité variétale joue d'autres rôles, comme par exemple : la maîtrise du calendrier cultural dans un contexte de contraintes de temps (saison culturale limitée à la saison des pluies) et de main d'œuvre ; la satisfaction de différents objectifs de production du paysan



(consommation familiale, marché, etc.). Cette liste n'est peut être pas complète mais montre combien la diversité est nécessaire aux petits exploitants pratiquant l'agriculture de subsistance à faible niveau d'intrants pour non seulement garantir une certaine production dans des environnements marginaux mais aussi pour répondre à une diversité de conditions socio-économiques. Le maintien d'un certain niveau de diversité fait alors partie de la stratégie de production des paysans (Cooper *et al.* 1992).

La diversité ainsi maintenue dans les agrosystèmes traditionnels est sous la gestion directe des paysans. Bellon (1996) identifie 4 composantes de pratiques de gestion de la diversité par les paysans : 1- la circulation des variétés et des semences ; 2- la sélection variétale ; 3- l'adaptation variétale et 4- la sélection et la conservation des semences. Celles-ci peuvent avoir une certaine influence sur la structure et la dynamique de la diversité génétique des plantes cultivées en milieu traditionnel.

### **1.3 Dynamique des plantes cultivées dans les agrosystèmes traditionnels**

Les populations des plantes cultivées générées par les paysans ne sont pas stables, notamment chez les plantes allogames. En effet, elles subissent à chaque génération une fluctuation des fréquences alléliques et génotypiques sous l'effet des forces évolutive : la mutation, la sélection naturelle, la sélection humaine, la migration des individus et des populations et la dérive génétique. Parmi ces facteurs, seule la mutation n'est pas directement influencée par les pratiques agricoles paysannes et les facteurs environnementaux (Bellon, 1995, Louette, 1994 ; Brush, 1995 ; Wood et Lenné, 1993).

#### **1.3.1 Mutation**

La mutation est en terme simple la transformation d'un allèle à un autre et constitue de ce fait la source de variation ou de changement héréditaire dans le matériel génétique. L'apparition spontanée de mutations est un événement rare pour un allèle donné et pour un individu donné. Pour cela, son influence sur l'évolution des plantes cultivées peut être limitée, comparativement aux autres forces évolutives. Elle entre aussi en interaction avec la dérive génétique et la sélection naturelle, facteurs au travers desquels certaines mutations peuvent être éliminées.

#### **1.3.2 Sélection**

La sélection, qu'elle soit naturelle ou paysanne, est un fait de compétition pour la survie entre individus de la même population et entre populations de la même espèce dans un environnement physique et socio-économique défini. Les pressions de sélection qui agissent sur les plantes cultivées dans les agrosystèmes traditionnels sont souvent intenses (McKey *et al.*, 2001).

Les contraintes environnementales biotiques et abiotiques peuvent exercer une pression de sélection qui élimine les individus les plus faibles au profit des individus les plus adaptés à l'environnement dans lequel ils évoluent. On assiste alors à un changement des fréquences alléliques dans les populations à chaque génération et à des modifications des structures génétiques. Les plantes cultivées acquièrent ainsi une adaptation constante vis-à-vis des changements des conditions de milieu dans lesquelles elles se développent.



La sélection paysanne s'adresse à la sélection variétale et à la sélection des semences et constitue une composante importante des pratiques de gestion des variétés et des semences. Elle joue un rôle central dans la structure génétique des populations cultivées et leur évolution. Elle peut dépendre de l'espèce, de son système de reproduction (sexuée ou asexuée, autogame ou allogame), de la nature des variétés impliquées (variétés traditionnelles ou variétés améliorées) et autres facteurs de gestion (Bellon, 1996).

La sélection variétale paysanne est un processus continu d'expérimentation et d'évaluation des variétés existantes et de nouvelles variétés, basée sur des critères agroécologiques, d'usage, ou technologiques (Bellon, 1991). Lambert (1985) constate par exemple, qu'en Malaisie, les paysans expérimentent constamment les variétés de riz, même s'ils les connaissent. Bellon (1991) classe les critères de sélection variétale paysanne en 3 catégories majeures : 1- agroécologique (eau, température, type et qualité du sol, topographie, etc.), 2- usage qui se réfère à l'utilisation et à la destination de la production (consommation familiale, marché, production de fourrage, goût, texture, rendement, etc.) et 3- technologique qui est en rapport avec la gestion de la culture et les intrants (désherbage, quantité d'engrais, équipement, etc.). La sélection variétale paysanne se traduit par des introductions et des abandons continus de variétés (Dennis, 1987 ; Richard, 1986 ; Louette, 1994 ; Bellon, 1991). Ces introductions et abandons des variétés contribueraient à la structuration de la diversité variétale et à l'adaptation des plantes cultivées par rapport à l'environnement physique et socio-économique. Elles peuvent aussi aboutir à un accroissement ou à une diminution de la diversité génétique.

Dans les agrosystèmes traditionnels, très souvent, les paysans produisent eux-mêmes leurs semences qu'ils prélèvent chaque année dans leurs champs pour la reproduction. Ils exercent de ce fait une certaine pression de sélection sur les plantes cultivées par le choix des semences. Ce choix est généralement basé sur des critères visuels, comme les semences bien développées, saines et non endommagées (Wright et Turner, 1999). Il vise la viabilité des semences et, parfois, leur homogénéité phénotypique. La pratique de sélection (méthodes, critères et intensité) peut varier d'un endroit à un autre et d'une espèce à une autre. Par exemple chez le riz, à la maturité de chaque variété, le paysan peut sélectionner ses semences pour la saison culturale suivante en prélevant les panicules représentatives ou encore une portion du champ où les plantes sont le mieux développées (Lambert, 1985). Dans certains cas, les semences sont simplement obtenues à partir du stock résiduel de grains disponible dans les greniers (Wright et Turner, 1999). L'influence de la sélection paysanne sur la dynamique des ressources génétiques varie donc en fonction de l'intensité de sélection. Cette sélection peut favoriser certains génotypes par rapport à d'autres et entraîner, de ce fait, un changement de fréquence allélique dans les variétés à chaque génération et à une certaine perte de diversité génétique. Elle peut, dans certains cas, réduire considérablement la taille efficace des populations à chaque génération (Ollitrault *et al.*, 1997). Cependant, les paysans créent de la diversité au travers de leurs activités de sélection des semences (Wright et Turner, 1999). Brush *et al.* (1992) indiquent que la sélection paysanne peut être moins apparente dans les cultures de plein champ, comme le riz ou le blé, dans lesquelles les graines sont manipulées en vrac.

Le fait que les paysans dans les agrosystèmes traditionnels produisent eux-mêmes leurs semences contribue à l'évolution génétique des populations car les nouveaux génotypes résultant du processus migration – recombinaison – sélection sont reconduits à la génération suivante (Pham *et al.* 2002). La FAO (1989) note que la production des semences par les paysans permet un large échantillonnage et donc une bonne probabilité de conserver une large

gamme d'allèles. Si les paysans ne sont plus autorisés à produire eux-mêmes leurs semences, la possibilité de conservation et d'évolution *in situ* de la diversité génétique sera-t-elle alors compromise ?

Enfin, la sélection naturelle et la sélection paysanne confèrent aux plantes cultivées une adaptation constante par rapport aux changements environnementaux et socio-économiques dans lesquels elles évoluent et une bonne stabilité des rendements.

### 1.3.3 Migration

La migration correspond à des échanges génétiques entre populations différentes, connectées les unes des autres, parce qu'elles échangent des « migrants » qui peuvent être des gamètes ou encore des génotypes. Son importance dépend du système de reproduction de la plante, de la répartition spatiale des populations et du mode d'acquisition des variétés et des semences. Le flux de gènes par les gamètes dépend largement du système de reproduction, elle est plus importante chez les plantes allogames. Elle limite la différenciation génétique à l'échelle d'un ensemble de populations et favorise le maintien de la variabilité par le brassage génétique entre individus d'une même population ou de populations différentes et entre populations.

Les conditions d'échange gamétiques sont bien présentes chez les riz cultivés en milieu traditionnel. En effet, les variétés sont très souvent constituées d'un mélange de formes différentes (mélange volontaire ou involontaire) (Portères, 1966 ; Bezançon et Koffi, 1979 ; de Kochko et Koffi, 1982 ; Miezan et Ghesquière, 1986), les parcelles de riz sont placées les unes à côté des autres et plusieurs variétés peuvent être cultivées dans la même parcelle. Reano et Pham (1998) ont montré chez le riz que les fécondations croisées avaient préférentiellement lieu entre plantes proches (0.9%) plutôt qu'entre parcelles (0.08%). Lambert (1985) observe chez le riz en Malaisie que la proximité des parcelles de culture portant des variétés différentes, les unes par rapport aux autres, entraîne une forte pollinisation croisée. Miezan et Ghesquière (1986) considèrent que la majorité des variétés de riz cultivées en Afrique sont des hybrides, notamment chez la sous-espèce *japonica* d'*O. sativa*. L'hybridation naturelle entre plantes de riz cultivées (*O. sativa*) et plantes d'espèces sauvages apparentées (*O. longistaminata*) a été également observé en Afrique (Ghesquière, 1988) bien que très rarement. L'utilisation de populations composites a été proposée chez le riz (Pham et al. 1994 ; Bellon *et al.*, 1997) pour promouvoir les changements évolutifs chez cette céréale très autogame.

La migration de génotypes est essentiellement favorisée par la présence de plusieurs variétés dans la même exploitation voire dans la même parcelle comme le cas du riz en Thaïlande (Dennis, 1987) ou en Malaisie (Lambert, 1985). Elle peut se réaliser par des mélanges accidentels entre les variétés au cours des opérations culturales comme le semis, la récolte, le battage et le stockage.

La migration de populations se réalise à travers l'introduction de nouvelles variétés ou l'approvisionnement en semences dans les exploitations. Les semences paysannes peuvent ainsi circuler à l'intérieur des villages, entre villages de la même région, dans le pays ou même hors du pays (Bellon, 1996). Cette circulation se fait dans le cadre des échanges ou par achat entre paysans ou au marché ou encore dans des entreprises privées ou étatiques et peut être un mécanisme important de migration d'allèles (Bellon, 1995). Elle favorise ainsi un brassage continu du matériel génétique au cours des générations (Pernes, 1984 ; Mckey *et al.*, 2001) et contribue à la structuration génétique.

### 1.3.4 La dérive génétique

La dérive génétique est une fluctuation aléatoire des fréquences alléliques résultant d'un échantillonnage aléatoire parmi les gamètes pour former la génération suivante. Elle se répète au cours des générations successives et conduit à la perte d'allèles. Son effet dépend de la taille de la population considérée. Plus une population est de petite taille plus elle perd rapidement du polymorphisme.

La surface ou la quantité de semence consacrée à une variété dépend d'un certain nombre de facteurs parmi lesquels nous pouvons citer le niveau d'équipement de l'exploitation considérée, de la disponibilité de la main d'œuvre, de la disponibilité de la semence et plus important encore, de l'objectif de le paysan lui-même.

Selon les objectifs de production, les variétés d'une même exploitation peuvent être cultivées sur des surfaces différentes. En effet, les paysans cultivent souvent plusieurs variétés. La surface dévolue à chacune d'elle peut dépendre de son importance au sein de l'exploitation. Ainsi, la variété la plus importante pour le paysan sera cultivée sur une plus grande surface que la variété la moins importante. Les paysans introduisent et expérimentent les nouvelles variétés avec des faibles quantités de semences, de l'ordre de quelques grammes à quelques kilogrammes. La reconduction d'une génération à une autre de lots de semences de faible taille pourrait conduire à une certaine dérive génétique difficile à évaluer. Cependant, on peut considérer que l'effet de la dérive génétique sur l'évolution *in situ* de la diversité génétique du riz est probablement faible. En effet, étant donné que le poids de 1000 grains de riz est faible (environ 30 grammes), la taille de la population peut être rarement limitante.

En règle générale, toute nouvelle variété introduite dans une exploitation est soumise à un test. Cette expérimentation est souvent conduite sur de petites surfaces et constitue ainsi une phase de goulot d'étranglement conduisant probablement à une certaine dérive génétique pour les variétés concernées.

## 2 Le riz

### 2.1 Le riz en Afrique

La culture de riz couvre environ 150 millions d'hectares. Près de 90 % de ces surfaces se trouvent en Asie ; les 10 % restant se répartissent sur les autres continents. Le riz est une plante de climat chaud, cultivé dans des conditions environnementales très diverses, allant de la submersion totale au pluvial strict. Avec une production annuelle de 530 millions de tonnes par an, cette céréale se situe au deuxième rang des productions céréalières du monde. Les rendements varient selon les conditions de culture à moins d'une tonne à plus de 10 tonnes par hectare. L'essentielle de la production de riz est localement consommée, les échanges commerciaux internationaux ne portent que sur moins de 5 % de la production (FAO, 1989).

Le riz est cultivé en Afrique sur 6.8 millions d'hectares, ce qui représente 4 % des 150 millions d'hectares cultivées dans le monde (FAO, 1993). Sa distribution sur le continent est très hétérogène. C'est en Afrique de l'Ouest qu'il est le plus cultivé, notamment dans la zone intertropicale humide. Cependant, c'est dans ce continent que l'augmentation de la consommation de riz est la plus forte, en raison d'un exode rural très important (Courade, 1984).

Les deux espèces de riz, *O. sativa* et *O. glaberrima*, sont cultivées en Afrique. *O. sativa* a été domestiquée en Asie il y a plus de 8000 ans à partir de l'espèce sauvage *O. rufipogon* (Second, 1985) ; *O. glaberrima*, quant à elle, a été domestiquée en Afrique dans l'ancien delta du Niger il y a environs 3500 ans à partir de son parent sauvage *O. breviligulata* (Portères, 1956). Ces deux espèces, du même génome AA, appartiennent au genre *Oryza* dont la classification distingue 22 espèces de riz (Second, 1985). L'existence d'une riziculture ouest africaine antérieure à l'introduction de l'espèce asiatique *O. sativa*, vers le 15<sup>ème</sup> siècle, est attestée par les plus anciens récits des grands voyageurs. Aujourd'hui, une diversité génétique importante semble être maintenue dans les agrosystèmes traditionnels comme le montre les résultats des prospections réalisées dans les années 80 dans tout le continent sous l'égide de l'IBPGR devenue IPGRI.

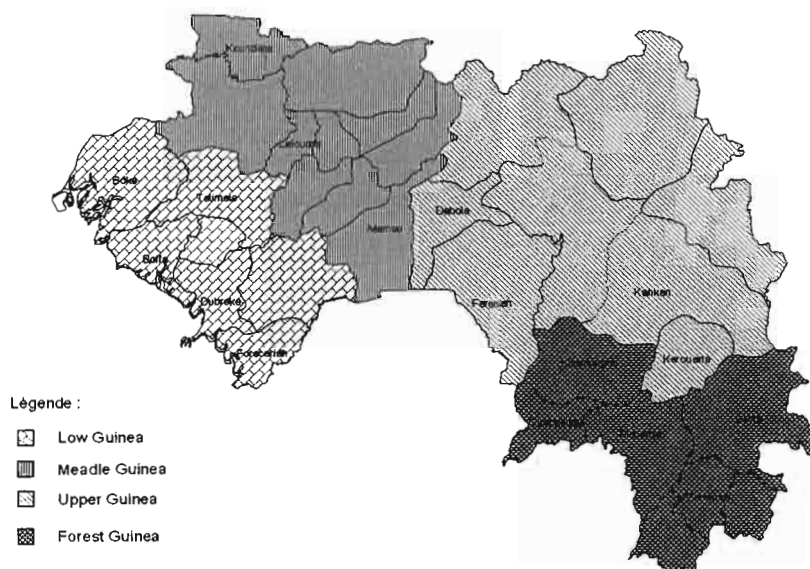
La structure de la diversité des formes cultivées représentée par un grand nombre de variétés a été analysée par les généticiens en utilisant principalement les caractères morphophysiologiques, les marqueurs enzymatiques et les marqueurs moléculaires. Ces outils donnent une image très semblable de son organisation et permettent de distinguer les deux espèces cultivées, *O. sativa* et *O. glaberrima* mais aussi identifient deux sous-espèces chez *O. sativa* le type *indica* et le type *japonica*. Des formes intermédiaires entre les deux sous-espèces d'*O. sativa* sont observées (Ahmadi *et al.*, 1988).

## 2.2 Le riz en Guinée

D'une superficie de 246 000 Km<sup>2</sup>, la Guinée fait partie de l'Afrique Occidentale et s'étend entre les 7<sup>ème</sup> et 13<sup>ème</sup> latitude Nord et les 6<sup>ème</sup> et 15<sup>ème</sup> latitude Ouest. Elle réunit dans un ensemble national quatre grandes régions naturelles (Carte 1) présentant une originalité marquée dans leur climat, leur relief, leurs sols, et leurs paysages. 1- La Guinée maritime, située entre la côte et les premiers contreforts du Fouta Djallon à une altitude comprise entre 0 et 500 m avec une pluviométrie annuelle variant entre 2,8 m à 4,0 m répartie en 6 mois, de juin à novembre. 2- La Haute Guinée, située à l'est du pays sur un vaste plateau d'altitude comprise entre 200 et 400 m ayant une pluviométrie relativement faible (1,3 m de pluie / an en moyenne). 3- La Guinée forestière située à l'extrême sud-ouest du pays à une altitude comprise entre 500 et 1000 m avec des points culminants à plus de 1500 m (Monts Simandou et Nimba) et une pluviométrie relativement abondante (2 à 3 m de pluies / an réparties sur 9 mois). 4- Le Fouta Djallon, région de montagnes, située au nord-ouest du pays à une altitude variant entre 700 et 1500 m avec pluviométrie annuelle moyenne de 1,5 m, répartie en 5 mois. Pour plus de détail voir le tableau 1.

Le riz est l'aliment de base de la population guinéenne, la consommation moyenne nationale est de l'ordre de 90 kg/hbt/an (DINAFIV, 2003). Il constitue la principale activité agricole du pays et couvre à lui seul 42 % des superficies totales cultivées estimées à 1,6 millions d'hectares pour la période 2000-2001 pour une production d'environ 700 000 tonnes de paddy.

Jusqu'au début de l'indépendance, la Guinée était autosuffisante en riz et parvenait à exporter une partie de sa production. A titre d'exemple, en 1917, la Guinée a exporté officiellement 2 169 tonnes de riz net vers les colonies françaises étrangères voisines (Heim *et al.*, 1925). Selon Portères (1966), dans les années 1950, le pays était le 3<sup>ème</sup> producteur de riz en Afrique après l'Egypte et le Madagascar. Sa riziculture était la plus avancée et la plus diversifiée de l'Afrique de l'Ouest. Sa production atteignait 270 000 tonnes de paddy et exportait encore une partie vers certaines colonies françaises (Portères, 1966). Après l'indépendance du pays, la



Carte 1 : Représentation des 4 régions naturelles de la Guinée

croissance démographique et l'urbanisation entraînent une augmentation considérable de la consommation et de la demande en riz qui fait passer, très rapidement, la Guinée d'exportateur à importateur de riz. Les volumes d'importation de riz passent de 7000 tonnes par an en 1959 à près de 300 000 tonnes par an en 2002. En même temps la consommation du riz est passée de 40 kg/hbt/an en 1960 à 88 kg/hbt/an en 2001 (DINAFIV, 2003).

## 2.2.1 Les types de riziculture

Le riz est cultivé dans les quatre régions naturelles de la Guinée grâce au climat chaud et humide ainsi qu'une pluviométrie relativement abondante. La diversité écologique du pays a imposé une grande diversité des systèmes rizicoles. Les deux espèces de riz sont cultivées dans toutes les régions sur un éventail très large de conditions topographiques et hydrologiques : la culture de riz s'étend du niveau de la mer à 1500 mètres d'altitude.

Selon la classification du ministère de l'agriculture guinéen (LPDA2, 1998) basée sur les écosystèmes, on distingue quatre grands types de riziculture présentés au Tableau 1 suivant leur importance en terme de superficie cultivées en 1997 : la riziculture pluviale, la riziculture des plaines de mangrove, la riziculture de bas-fonds et la riziculture des plaines alluviales.

Les nombreuses études sur les systèmes rizicoles réalisées jusqu'à présent et nos propres connaissances nous permettent de faire un résumé sur les principaux systèmes de culture de riz rencontrés en Guinée.

### 2.2.1.1 La riziculture pluviale

La riziculture pluviale « stricte » est pratiquée dans toutes les régions naturelles de la Guinée, sur les montagnes (du pied des montagnes jusqu'au sommet), les collines et les plateaux. Le riz pluvial est alimenté exclusivement par les pluies, cultivé sur sol toujours et naturellement

drainé et sa productivité dépend de la répartition des pluies, la saison des pluies s'étalant selon les régions de 5 à 9 mois par an. La culture est, dans la très grande majorité des cas, itinérante. Ce système de culture occupait en 1997, 312000 ha, soient 65 % de la surface totale cultivées en riz (Tableau I-1)

Tableau I-1 : Répartition des superficies par type de riziculture et par région naturelle (en milliers d'hectares)

Types de riziculture	Guinée Maritime	Moyenne Guinée	Haute Guinée	Guinée Forestière	Total	Pourcentage
Riz pluvial	48	32	84	148	312	65 %
Riz de mangrove	76	-	-	-	76	16 %
Riz de bas-fonds	25	9	-	13	47	10 %
Riz de plaine	-	7	33	5	45	9 %
Ensemble Guinée	149	47	117	166	480	100 %
Pourcentage	31 %	10 %	24 %	35 %	100 %	

Source LPDA2, SNSA (1999) (campagne 97/98)

La culture pluviale se fait après défriche ou déforestation, séchage et brûlis d'une jachère de 5 à plus de 10 ans. Dès après les premières pluies, la parcelle est soigneusement nettoyée avant d'être semée à la volée ou en poquet, très souvent, sans labourer le sol. Dans le cas du semis à la volée, les graines sont enfouies par simple grattage du sol à la houe. Les travaux d'entretien se résument à un ou deux désherbages manuels, la protection contre les agoutis et les oiseaux granivores. Le riz est récolté à la faucille ou au couteau, séché au champ pendant quelques semaines, rassemblé en chandelle et battu avant d'être transporté au village et stocké dans les greniers traditionnels.

Le riz est cultivé pur ou bien en mélange avec d'autres espèces vivrières, telles que le maïs, le petit mil, l'arachide, le manioc. Il est en tête de rotation après la défriche, puis vient en deuxième année l'arachide ou le manioc ou le fonio, une troisième année étant possible avec les mêmes cultures qu'en seconde année. Après ces deux ou trois années de culture, la terre retourne en jachère pour permettre la restauration de la fertilité du sol, à l'exception de rares cas où les cultures sèches sont sédentarisées (le riz entre en rotation avec d'autres plantes moins exigeantes en fertilité comme l'arachide). Les variétés sont de cycle végétatif relativement précoce par rapport à celles cultivées en écosystème inondé, celles d'*O. glaberrima* y sont encore très représentées.

Le système de culture de riz pluvial est en crise de fertilité. En effet, la durée des jachères, seul moyen de renouvellement de la fertilité des sols, a fortement baissé au cours des ces dernières années. Elle est passée, en moyenne, 10 ans dans les années 1980 à 6 ans actuellement (Boun *et al.* 2001). Cette baisse de fertilité est systématiquement associée à une pression accrue des adventices. En général, les paysans abandonnent la culture de riz dès que la durée de la jachère se situe au dessous de 5 ans pour s'orienter vers le système inondé (bas-fonds ou plaine selon la disponibilité ou bien vers d'autres cultures sèches comme celles de l'arachide ou du fonio.

### 2.2.1.2 La riziculture de mangrove

La riziculture de mangrove est le deuxième système rizicole le plus important mais n'est présent qu'en Guinée maritime, le long de la côte atlantique. Les rizières de mangroves sont conquises en bordure de mer par défriche de palétuviers (*Rhizophora* ou *Avicenia*) suivi d'aménagement dans le cas où l'influence de la mer reste forte. Les sols sont des marécages



formés en grande partie par la sédimentation des limons qu'entraînent les cours d'eau et les vases d'origine marine. Selon l'influence de la mer, la culture de riz dans cet écosystème peut être subdivisée en 3 systèmes de culture de riz : le riz de mangrove fermée, le riz de mangrove ouverte et le riz de plaine d'eau douce.

Le riz de mangrove fermée se distingue des autres systèmes principalement par sa proximité de la mer et par son mode d'aménagement. Après la défriche des palétuviers, une impressionnante digue de ceinture est construite par la communauté villageoise pour protéger les rizières contre l'arrivée des marées d'eau salée. Le périmètre est découpé en casiers ceinturés par des diguettes construites à la charge de chaque propriétaire. Ces diguettes permettent le contrôle de l'eau à la parcelle : empêcher la pénétration de l'eau salée et stocker les eaux de pluies pendant la saison de culture et favoriser, en saison sèche, la pénétration et le stockage de l'eau salée en sèche pour empêcher l'oxydation des sols suivie de formation d'acides. Les casiers sont équipés de vannettes en forme de tronc de palmier évidé qui permettent de vider les excédents d'eau en saison hivernale et de faire entrer l'eau salée en saison sèche dans le but d'humidifier le sol pour empêcher l'oxydation des sulfures et la formation d'acides. La surface d'un casier de ce type peut varier entre une centaine de m<sup>2</sup> et plus d'un ha. Les variétés cultivées dans ce système sont généralement de cycle précoce (rarement supérieur à 140 jours) et tolérantes à la salinité. Un nombre non négligeable de variétés améliorées cohabitent avec les variétés locales. Les rendements peuvent être élevés (plus de 2 tonnes/ha) dans les années de bonne pluviométrie (absence de sécheresse au cours de la saison culturale) mais peuvent tomber très bas dans le cas contraire. La salinité est la principale contrainte à ce système suivi de l'acidité du sol et des crabes qui détruisent les jeunes plants de riz nouvellement repiqués.

La mangrove ouverte est située le long des estuaires supérieurs. La durée de la période sans sel est généralement longue, de juin à janvier ou février, de sorte que la culture de riz échappe aux problèmes de salinité. L'aménagement donc n'est pas nécessaire. La longueur de la période sans sel permet de cultiver des variétés à cycle long même sensibles à la salinité.

Les plaines d'eau douce sont des plaines de mangrove exclues de l'influence directe de la mer par les cordons sableux ou par des digues de protection. Certaines d'entre-elles sont aménagées par les services publics qui érigent des digues impressionnantes qui les protègent contre l'eau de mer. Ce type d'aménagement exige la canalisation pour évacuer les excédents d'eau. Les variétés cultivées peuvent être de cycle moyen ou de cycle long. Les variétés à cycle court sont plus rares en raison des difficultés de séchage du riz en période hivernale et aussi des problèmes d'oiseaux granivores.

Malgré leur apparence plane, toutes ces plaines sont caractérisées par une morphologie ondulée composée de parties hautes, moyennes et basses auxquelles les paysans adaptent une large gamme de variétés et de techniques culturales. Par exemple, dans les plaines de la Guinée maritime, l'abondance des pluies (jusqu'à 4 m d'eau par an) et les difficultés de contrôle des excédents d'eau entraînent la formation de deux types de riziculture particuliers que l'on peut assimiler à de niches écologiques. 1- la riziculture de type flottant. Les parties des plaines les plus basses se présentent sous forme de cuvettes qui se remplissent dès les premières pluies, le niveau de l'eau reste très élevé durant toute la saison culturale. Ces cuvettes profondes sont cultivées avec la variété « Bagas malé », un riz flottant à cycle tardif appartenant à *O. glaberrima*, en semis direct à la volée, dès avant le démarrage de la saison des pluies sur un labour à plat. Ce riz résiste à la sécheresse qui peut survenir entre les premières pluies et le début de la crue et a la capacité de supporter plusieurs jours de

submersion et d'allonger ses entre-nœuds au fur et à mesure que l'eau monte. Ces cuvettes sont généralement de faible étendue et localisées à plusieurs endroits des plaines. 2- La riziculture de décrue, pratiquée en saison sèche (riziculture de contre saison) dans des zones où la culture de riz est impossible pendant la saison pluvieuse à cause du niveau très élevé de l'eau. A la fin des pluies, l'eau se retire, la baisse du niveau d'inondation permet la culture riz mais seulement avec des variétés à cycle précoce parce que la nappe phréatique, unique source d'eau en cette période sèche, disparaît très rapidement. Le riz est repiqué début décembre et récolté en mars.

Dans ces différents systèmes, la préparation du sol est faite par un labour manuel à la daba ou au tracteur ou par un billonnage à l'aide d'un outil spécial connu sous le nom de « Kofoui ». Le riz est repiqué à plat ou sur billon avec des plants âgés d'environ un mois. Les jeunes repousses issues de la germination des graines tombées dans les champs à la précédente récolte sont intégrées aux jeunes plants issus des pépinières lors du repiquage. Le désherbage manuel dans les plaines d'eau douce, le colmatage des digues et diguette et la lutte contre les crabes en mangrove constituent les principales opérations d'entretien de la culture de riz dans ces systèmes. La récolte est faite à la main, séchée au soleil, battue au champ avant d'être transportée à domicile et stockée dans les greniers.

Les terres de mangrove sont riches en matière organique grâce au dépôt d'alluvions marins et continentaux, donc potentiellement fertiles. Leurs inconvénients majeurs demeurent le niveau élevé de submersion en hivernage, la salinité des sols et de l'eau, l'acidité des sols et les adventices spécifiquement dans les plaines d'eau douce.

### **2.2.1.3 La riziculture de bas-fonds**

Selon le degré de maîtrise de l'eau on peut distinguer deux systèmes de culture : le système de culture de riz de bas-fond aménagé et le système de culture de riz de bas-fond non aménagé. Parmi les deux, le système non aménagé est le plus important en terme de surfaces cultivées. Cependant, les surfaces du système bas-fonds aménagées augmentent d'année en année grâce à l'intervention de l'Etat ou d'ONG. Ces systèmes se rencontrent dans les 4 régions naturelles notamment en Guinée forestière et en Moyenne Guinée (les deux régions les plus montagneuses). Les variétés traditionnelles sont dominantes dans les bas-fonds non aménagés alors que dans les bas-fonds aménagés ce sont les variétés améliorées qui prédominent (Boun *et al.*, 2001). En général, le riz est semé à la volée dans les bas-fonds non aménagés et repiqué dans les bas-fonds aménagés sur un labour manuel ou, très rarement, au tracteur. Les adventices et la toxicité ferreuse sont les principales contraintes de ce type de riziculture.

### **2.2.1.4 La riziculture des plaines alluviales**

Les plaines alluviales sont des grands espaces localisés le long des grands fleuves comme le Niger, le Milo ou le Tinkisso. Ces plaines, concentrées en Haute Guinée (Kankan, Kouroussa, Siguiri et Faranah), sont peu cultivées à cause d'une faible densité de la population. Quelques-unes d'entre-elles ont été aménagées pendant l'époque coloniale, mais ces aménagements ne fonctionnent plus. Leurs topographie et régime d'inondation définissent l'emplacement des champs, le choix des variétés et les dates de semis. Le niveau de l'inondation augmente des parties les plus hautes aux parties les plus basses. Dans ces dernières, les crues arrivent précocement et se retirent tardivement. Y sont cultivées les variétés tardives de type flottant capables de pousser avec les crues, les variétés précoces étant cultivées dans les parties les plus hautes. Les travaux de préparations du sol et de semis sont généralement réalisés en culture attelée ou au tracteur, et, pour cette raison, les surfaces moyennes cultivées par exploitation sont relativement élevées (en moyenne 6 ha) (Boun *et al.*, 2001). Ces plaines sont



soumises à trois principaux aléas : l'imprévisibilité des crues, l'importance des adventices et la faible fertilité des sols (Béavogui, 2004).

## **2.2.2 Sélection et diffusion variétale**

### **2.2.2.1 L'amélioration variétale**

*O. glaberrima* est la première espèce de riz cultivée en Guinée, comme dans d'autres régions d'Afrique. D'après Godon (1991), le récit d'Eustache de la Fosse « voyage à la côte occidentale d'Afrique » 1479 – 1480 atteste la culture du riz en Guinée, sur une grande échelle, dès avant l'introduction, par les portugais, des variétés asiatiques, vers le 15<sup>ème</sup> siècle. Depuis, le pays a connu des introductions de riz asiatique, par vagues successives, repoussant l'espèce africaine qui n'est plus cultivée de manière importante.

L'amélioration variétale du riz n'a commencé en Guinée qu'au début du siècle dernier, après la création, par les colonisateurs français, des premières stations rizicoles. La station rizicole de Benty, créée en 1903, fut la première station à mener, en Guinée, des activités de recherche sur le riz (Portères, 1966). Cette station fut fermée en 1918 pour des raisons budgétaires après avoir été une porte d'entrée et un lieu de sélection de nombreuses variétés asiatiques dont certaines sont encore cultivées, telle que Mamoussou sur la Côte guinéenne (qui serait originaire de Gao en république du Mali). Les travaux de recherche sur le riz se sont poursuivis à la station expérimentale de Monchon entre 1938 et 1952, puis à la station rizicole de Koba créée en 1952. Dans le même temps des travaux de recherche sur le riz se réalisaient en Haute Guinée dans les stations de Bordo à Kankan et de Iri-Kiri à Kouroussa et en Guinée forestière à la Station du Café et du Quinquina de Sérédou à Macenta où Roland Portères conduisit des expérimentations sur le riz dans les années 40 (Portères, 1956).

L'administration coloniale française encourageait les échanges de matériel génétique entre les stations de recherche de l'Afrique de l'Ouest qui furent intenses comme le témoigne les nombreuses variétés introduites en Guinée, à cette époque. Portères (1966), relève, parmi les variétés cultivées vers les années 1950, plus de 50 introduites en Guinée à partir d'une dizaine de pays voisins dont les principaux sont les suivants : Sierra Leone (23 variétés), Libéria (8 variétés), Mali (4 variétés), Sénégal (3 variétés) et Guinée Bissau (4 variétés). Certaines de ces variétés sont encore cultivées, par exemple : Dissi créée en Guyane Britannique et introduite en Guinée en 1930 à partir de la Station N'Jala en Sierra Leone ; Fossa provenant de Kouroussa en Guinée, puis sélectionnée en 1910 à la station de Koulikoro au Mali avant d'être redistribuée en Guinée et en Côte d'Ivoire ; Paté rouge, introduite du Liberia où elle a été introduite de l'Amérique vers le 18<sup>ème</sup> siècle ; Diakissa introduite du Mali vers 1910. Ces variétés qui se sont maintenues en culture près d'un siècle ont dû subir des changements génétiques qu'il est difficile de mettre en évidence.

A l'indépendance de la Guinée, les stations de recherche rizicoles furent abandonnées. Les collections de base ont été maintenues tant bien que mal par les techniciens qui y travaillaient. Certaines stations, comme celle de Koba, ont été reprises quelques années plus tard par les programmes de développement pour poursuivre l'introduction de nouvelles variétés et les travaux de sélection et de multiplication des semences à petite échelle.

Le service national de l'agriculture poursuit les introductions de variétés étrangères. Ainsi, durant la première république (1958-1984), Nankin 6, provenant de Chine continentale, a été diffusée, de même que NN8, venant du Vietnam.

L'exécution du projet ONADER (Opération Nationale pour le Développement de la riziculture), entre 1981 et 1985, a été l'occasion d'introduire un grand nombre de variétés modernes (plus de 200 variétés) en provenance, principalement, des Institutions

Internationales de recherche : IRRI, ADRAO et IITA et de stations nationales de recherche comme Suakoko au Libéria et Rokupr en Sierra Leone. Beaucoup d'entre-elles n'ont pas été adoptées par les paysans. Même la célèbre IR8, base de la révolution verte en Asie, n'a pas été acceptée à cause principalement du manque de maîtrise de l'eau et des problèmes d'enherbement. Cependant, quelques-unes d'entre-elles ont été largement cultivées par les paysans, c'est le cas de la variété Rok5 créée à Rokupr en Sierra Leone par l'ADRAO cultivée dans les rizières de mangroves salées et Lac23 créée à la station nationale de Suakoko au Libéria cultivée en pluvial dans la zone de Guékédou en Guinée forestière.

La Guinée commença à créer ses propres variétés en 1982 avec l'ouverture du centre de recherche agronomique de Kilissi grâce à la coopération Nord-coréenne. Ces variétés sont connues sous le sigle CK (CK1, CK2, CK3, .....CK211). Quelques-unes d'entre-elles sont cultivées actuellement par les paysans.

L'IRAG, première Institution nationale de recherche agronomique, créée en 1987, reprend les stations de recherche rizicole pour mettre en place son dispositif de recherche sur le riz organisé en quatre centres de recherche : Bordo en haute Guinée pour le riz des plaines alluviales, Sérédou en Guinée forestière pour les systèmes de production à base de riz, Kilissi et Koba en Guinée maritime, respectivement pour la création variétale de riz pluvial et de bas-fonds et pour l'amélioration de la riziculture des plaines côtières, mangrove et eau douce. L'IRAG poursuit l'introduction de variétés étrangères, notamment au travers du réseau Inger/Africa (un total de 1585 variétés<sup>1</sup>) et la création variétale au Centre de Kilissi.

Les variétés d'*O. glaberrima* cultivées en Guinée n'ont pas fait l'objet d'une véritable sélection conventionnelle. Cependant, très récemment, à partir de 1997, des variétés issues de plusieurs croisements d'*O. sativa* et d'*O. glaberrima*, les NERICA (Nouveau Riz Africain), ont été introduites et testées en Guinée, avec un effort particulier, par l'IRAG et le SNPRV, soutenues par l'ADRAO, la Banque mondiale et le PUD et l'ONG Sassakawa Global 2000 pour assurer une rapide et large diffusion. Leur progression dans les régions de la Haute Guinée et de la Guinée forestière est rapide et semble de ce fait menacer la survie des variétés de l'espèce *glaberrima* avec lesquelles elles partagent deux caractères intéressants : rusticité et précocité. Ces deux caractères seraient, en grande partie, à la base de la survie de l'espèce africaine et de l'acceptation des variétés de type NERICA par les paysans des deux régions citées. De plus, les variétés de type NERICA ont un potentiel de rendement supérieur à celles de l'espèce *glaberrima*.

Enfin, l'amélioration variétale en Guinée s'est fortement appuyée sur l'introduction de variétés étrangères de riz d'*O. sativa* à partir d'institutions nationales et d'institutions internationales. Ces variétés sont expérimentées dans les stations de recherche et en milieu paysan aussi bien par des professionnels de la recherche agronomique que par des agents du développement avec une absence d'homologation des variétés et de certification des semences. La création variétale est très récente en Guinée mais s'appuie elle aussi sur les variétés étrangères, la diversité locale étant très peu utilisée. L'impressionnante diversité variétale cultivée actuellement en Guinée serait donc le fruit d'un long processus d'introduction de variétés étrangères, de recombinaison locale, de différenciation sous la pression de la sélection naturelle et de la sélection humaine.

---

<sup>1</sup> La Guinée a introduit un total de 1585 nouvelles variétés à partir de l'ADRAO à travers le réseau *Inger Africa* (<http://www.warda.org/newsletter/no%206/Espirit%20No%206%20Ap-Jun%2004.pdf>). Ces variétés peuvent être des créations de l'ADRAO, de l'IRRI ou de stations nationales de recherche agronomique de la Sous région Ouest africaine. Elles ont toutes été testées dans l'un ou l'autre des centres de recherche de l'IRAG travaillant sur le riz (Koba, Kilissi, Bordo et Sérédou).

### **2.2.2.2 Approvisionnement en semences**

En règle générale, chaque paysan produit lui-même ses semences en les prélevant sur la récolte précédente. Mais il peut également utiliser des semences produites par d'autres paysans de sa communauté qu'il peut obtenir par échange (riz contre riz ou bien autres produits contre le riz), par achat ou par don. Ce système semencier informel est quasiment le même dans toutes les régions de la Guinée, à quelques exceptions près (méthodes de choix, de prélèvement ou de conservation des semences). Celui-ci persiste encore malgré les interventions des services publics pour le rendre formel.

Un service national des semences a été créé en 1987, avec financement de la Banque mondiale, qui a mis en place 3 centres de production et de conditionnement des semences de riz auprès des Centres de recherche de Bordo, de Kilissi et de Koba. Cette structure a fermé ses portes en 1992 après l'arrêt du financement. Les petits exploitants n'ont pas eu, en réalité, accès aux semences commercialisées par ce programme à cause du prix élevé, de l'éloignement des zones de production par rapport aux centres de conditionnement et probablement parce qu'ils ont plutôt l'habitude de produire eux-mêmes leurs semences et s'intéressent peu aux variétés améliorées multipliées.

De plus, il existe, très souvent, un volet production et de distribution de semences dans les projets développements agricoles, c'est le cas par exemple des projets ONADER, PAG (Projet Agricole de Guékédou), ORS (Opération Riz Siguiri), PDR-GM (Projet de Développement Rural de la Guinée Maritime). Mais ces actions semencières étatiques se limitent, en général, aux variétés améliorées et s'arrête à la fin du projet. Le manque de succès de ces entreprises serait en partie imputable au fait que les variétés améliorées qui y sont multipliées n'intéressent pas beaucoup les paysans.

Tenant compte de l'échec du système classique de production de semences utilisé en Guinée par le service national des semences et les projets de développement, une nouvelle approche, dénommée CBSS, qui signifie semences communautaires de qualité acceptable, est lancée en 2001 par le SNPRV et l'IRAG avec l'appui de l'ADRAO. Cette approche se veut plus proche des paysans en terme de techniques de production et de conservation, de disponibilité et d'accès aux semences (distance d'approvisionnement et prix convenables). Les variétés à multiplier sont identifiées avec les paysans contrairement au système classique de production de semences qui privilégie les variétés améliorées. Il est encore trop tôt pour donner un avis sur les performances de cette nouvelle approche qui est en situation expérimentale. Par ailleurs, la première législation semencière de la Guinée est en cours d'élaboration.

Les différentes interventions des services publics dans le domaine des semences ne semblent pas avoir modifié les pratiques des paysans qui continuent partout dans le pays à produire eux-mêmes leurs semences.

### **2.2.2.3 La vulgarisation agricole**

La vulgarisation, tout comme la recherche agronomique et la production des semences, n'a été organisée en Guinée que très récemment, à partir de 1987. Avant cette date, les actions de vulgarisation étaient menées par les projets de développement et pour une moindre mesure, par la direction nationale de l'agriculture. Chaque projet définissait sa propre stratégie de vulgarisation et ses actions. Les actions de vulgarisation de ces projets se réalisaient uniquement dans leurs zones d'intervention respectives et pour la durée du projet, s'arrêtant dès la fin du projet.

En 1987, un projet dénommé Projet Pilote de Vulgarisation Agricole (PPVA) est créé, qui utilise le système de vulgarisation « Training & Visit » de la Banque mondiale comme approche de vulgarisation. Celui-ci évoluera vers le Service Nationale de la Promotion Rurale et de la Vulgarisation (SNPRV) chargé de mettre en œuvre la politique nationale en matière de vulgarisation agricole sur l'ensemble du territoire national. Il exécute son propre programme de vulgarisation et les programmes de vulgarisation de tous les projets agricoles. Cette structure très décentralisée, est actuellement représentée dans les 33 Préfectures du pays par des agents de vulgarisation de base et touche quelques 600 000 familles vivant dans plus de 70 % des districts administratifs de la Guinée.

Le SNPRV a abandonné, progressivement, le système de vulgarisation « Training & Visit » pour s'orienter vers le conseil de gestion des exploitations en s'appuyant sur les organisations paysannes. En étroite collaboration avec la recherche agronomique nationale (IRAG) et autres institutions de recherche nationales ou internationales, ainsi qu'avec les projets de développement agricole, ce service a largement contribué à la diffusion de variétés améliorées dans tout le pays et notamment en riziculture inondée.

#### **2.2.2.4 Conservation et valorisation des ressources génétiques du riz**

Deux missions de collecte des ressources génétiques ont été réalisées en Guinée par des équipes de généticiens de l'ORSTOM, de l'IRAT et de l'IDESSA sous l'égide de l'IBPGR devenu IPGRI, respectivement en 1979 (Bezançon et Koffi, 1979) et en 1982 (de Kochko et Koffi, 1982). Les variétés des deux espèces cultivées, *O. glaberrima* et *O. sativa* et les espèces sauvages apparentées aux espèces cultivées étaient concernées par cette collecte.

Un total de 745 accessions de riz cultivé a été échantillonné dont 573 d'*O. sativa* et 172 d'*O. glaberrima*. Pour chacune des accessions (qui correspond à un champ), un vrac de grains et environ 10 panicules ont été collectées, qu'il s'agisse de variétés pures ou de culture en mélange (de Kochko et Koffi, 1982). Pour les espèces sauvages, le nombre d'échantillons collectés est le suivant : 16 d'*O. breviligulata*, 8 d'*O. longistaminata* et 6 hybrides naturels. Ces échantillons sont conservés *ex situ*, en chambre froide, à l'IRD, au CIRAD, à l'IRRI et à l'ADRAO.

La diversité génétique du riz de la Guinée n'a pas encore fait l'objet de véritable évaluation. De manière sporadique, quelques accessions maintenues *ex situ* ont été utilisées dans des études de diversité génétique réalisées au niveau du continent africain comme celles de Miezen et Ghesquière (1986), de de Kochko (1987), de Bezançon (1994), de Pham (1992), de Semon *et al.* (2004).

Les variétés traditionnelles de la Guinée n'ont pas fait non plus l'objet d'évaluation agronomique et d'amélioration par la sélection. Djou Kèmè a été l'une des rares variétés du pays à être utilisée comme parent dans les programmes de création variétale du centre de recherche agronomique de Kilissi. Les travaux de sélection conduits depuis toujours utilisent, pour l'essentiel, des variétés modernes créées dans des institutions nationales ou internationales, les variétales locales servant très souvent de témoins dans les expérimentations classiques menées en station et en milieu paysan. Bien qu'elles soient cultivées dans toutes les régions de la Guinée, les variétés d'*O. glaberrima* n'ont jamais été testées même en qualité de témoin.

### 2.2.3 Concept utilisé dans cette thèse pour le terme "variété"

Dans cette thèse, le terme variété correspond à une entité génétique à laquelle les paysans attribuent un nom et qu'ils gèrent comme une même unité. Elle s'identifie donc par son nom et par un certain nombre de caractéristiques qui la distinguent des autres entités génétiques avec laquelle elle est gérée par les paysans d'une même communauté.

Les variétés ont été séparées en type traditionnel et en type amélioré. Le type amélioré correspond à une variété reconnue par les paysans et par les techniciens comme étant issue de la sélection institutionnelle récente au travers de son nom, de son origine et de sa date d'introduction dans le village (diffusée au cours des 20 dernières années). Le type traditionnel correspond à toute variété n'appartenant pas au type amélioré défini ici. Parmi les variétés classées dans le type traditionnel, certaines sont issues de la sélection institutionnelle mais vulgarisée avant 1980. Ces deux types de variétés cohabitent dans les champs et sont gérées de la même façon par les paysans.

La variété cultivée en milieu traditionnel guinéen, qu'elle soit traditionnelle ou améliorée ne correspond pas à un cultivar décrit par Zeven (1998) comme « un taxon qui a été sélectionné pour une caractéristique ou des combinaisons de caractéristiques et qui est clairement distinct, uniforme et stable...et qui, lorsqu'il est diffusé par des méthodes appropriées conserve ces caractéristiques ». Elle est constituée d'un mélange de formes différentes (Heim *et al.*, 1925 ; Portères, 1956 ; Bezançon et Koffi, 1979 ; de Kochko et Koffi, 1982 ; Miezian et Ghesquière, 1986). Les paysans ont la capacité de reconnaître et de nommer la plupart des formes qui composent une variété. Les formes en mélanges sont, en général, constituées des variétés qui sont cultivées ou qui ont été cultivées dans le village concerné.

Les variétés cultivées en Guinée peuvent avoir des niveaux d'hétérogénéité très variables. Elles présentent très souvent un phénotype dominant qui permet sa distinction avec les autres variétés. Selon Portères (1956), les morphotypes qui composent une variété ont généralement un certain nombre de caractéristiques communes comme l'adaptabilité physio écologique, le cycle végétatif, la hauteur de la plante ou encore la couleur des glumelles.

Chaque variété de ce type porte un nom mais des accessions de même nom ne sont pas toujours identiques, même au niveau d'un village. De même, des accessions proches peuvent avoir des noms différents. A titre d'exemple, La variété nommée Djou Kèmè (traduit littéralement par 100 pieds en langue Malinké) est présente dans toutes les régions de la Guinée sous différents noms : Sambankonko est utilisé en Guinée maritime et en Moyenne Guinée, Dalofodè est utilisé seulement en Guinée maritime et Sonsonpolo seulement en Haute Guinée. Dans ces conditions, se pose la question du niveau de consistance des noms des variétés et de leur utilité dans l'évaluation de la diversité génétique.

Toutes les enquêtes menées sur la connaissance et l'utilisation de la diversité aux différentes échelles d'analyse : pays, région, village et exploitation, ont été basées sur les noms des variétés. Pour les analyses de la diversité génétique aux niveaux de la région, du village, de l'exploitation et de la variété, nous avons employé le terme accession utilisé dans cette thèse correspond à un échantillon représentant un lot de semences décrit par Louette (1994) comme « étant l'ensemble des graines d'une variété, sélectionnées par un producteur, et semées au cours d'un cycle de culture ainsi que leur descendance directe ». En effet, pour une variété donnée, plusieurs échantillons peuvent être prélevés chez différents paysans. Un seul de ces échantillons est appelé une accession.

### 3 Objectif de la thèse

L'objectif de cette thèse est d'évaluer l'étendue, la structuration et la dynamique de la diversité génétique des variétés de riz cultivées en Guinée (*O. sativa* et *O. glaberrima*) et de comprendre comment cette diversité est gérée par les paysans. Elle est conduite, dans les quatre régions naturelles de la Guinée et plus particulièrement en Guinée maritime, région située le long de la côte atlantique, au sein de l'IRAG avec la collaboration du CIRAD, de l'IRD et de l'ADRAO.

Pour sa mise en œuvre, nous avons adopté une stratégie à deux approches et à deux types d'échelles. Les deux approches sont les suivantes : 1- une prospection et une enquête de terrain réalisée en Guinée ; 2- une étude de la diversité génétique sur le matériel prélevé directement dans les champs des paysans et en chambre froide à l'IRD réalisée en Guinée par les caractères morphophysologiques et à Montpellier avec les marqueurs microsatellites. Les deux types d'échelle concernent : 1- l'échelle spatiale pour laquelle le pays a été subdivisé en 4 niveaux : pays, région, village et exploitation ; 2- l'échelle temporelle, d'une part de 1979 à 2003 pour comparer la diversité génétique de deux prospections et d'autre part, de 1996 à 2001 pour comparer la diversité variétale (estimée par le nombre de variétés) présente dans les villages et dans les exploitations. Dans les différentes études, la communauté villageoise a été l'unité de base d'observation.

Les résultats obtenus sont présentés en anglais dans 5 chapitres distincts qui ont fait ou qui feront chacun l'objet de publication. Chaque chapitre est constitué d'un résumé, du matériel et méthodes et des résultats et discussions. Les 5 chapitres sont groupés en deux parties. La première rassemble 4 études de diversité. La deuxième traite de la gestion des variétés et des semences.

Première partie : Diversité variétale du riz en Guinée et sa gestion par les paysans

- Le chapitre 2 traite du nombre de variétés cultivées dans un village et dans une exploitation agricole et son évolution récente sur une période de 6 ans (1996 – 2001). Les résultats sont obtenus à partir d'une enquête individuelle conduite au près de 1679 paysans vivant dans 79 villages réparties dans les quatre régions naturelles de la Guinée.
- Le chapitre 3 traite des pratiques paysannes de gestion des semences et de la dynamique locale des variétés de riz cultivées en Guinée maritime. Nous avons conduit ce travail d'abord à l'échelle de la région dans 15 villages par des enquêtes collectives, ensuite, il a été approfondi dans deux villages représentatifs des deux écosystèmes de la région par des enquêtes collectives et individuelles et un suivi de 22 exploitations. Les résultats ont fait l'objet d'un article.

Deuxième partie : diversité génétique du riz en Guinée maritime

- Le chapitre 4 analyse la diversité génétique des deux espèces de riz cultivées en Guinée maritime (*O. sativa* et *O. glaberrima*) évaluées par les caractères phénotypiques et par les marqueurs microsatellites. Cette étude a été conduite à partir d'un échantillon de 171 accessions collectées dans 14 villages de la Guinée maritime. Les résultats sont présentés dans un article.



- Le chapitre 5 détermine la distribution écogéographique de la diversité génétique des variétés de riz cultivées en Guinée maritime (*O. sativa* et *O. glaberrima*) révélées par les marqueurs microsatellites. Cette étude a été conduite à partir d'un échantillon de 171 accessions collectées dans 14 villages de la Guinée. Les résultats sont présentés dans un article.
- Le chapitre 6 étudie la diversité génétique révélée par les marqueurs microsatellites présente aux niveaux du champ paysan, de l'exploitation agricole et du village. Ce travail a été réalisé dans deux villages représentatifs des principaux écosystèmes rizicoles de la Guinée maritime : l'écosystème inondé et l'écosystème pluvial, à partir d'un échantillon de 42 accessions.
- Le dernier chapitre de cette partie aborde le problème délicat de l'érosion génétique par une discussion méthodologique. Dans cette étude, nous avons tenté d'analyser l'évolution temporelle de la diversité génétique par la comparaison entre accessions collectées en 1979 ou en 1982 et accessions collectées en 2003 dans 6 villages de la Guinée maritime. Nous avons utilisé comme indicateur de diversité le nombre de variétés cultivées et la diversité génétique révélée par les marqueurs microsatellites.

Enfin, dans la dernière partie, les principaux résultats seront synthétisés et mis en perspective dans une discussion générale par rapport à la conservation des ressources génétiques du riz à la ferme.

## **PREMIERE PARTIE**

### **DIVERSITE VARIETALE DU RIZ ET GESTION TRADITIONNELLE DES VARIETES ET DES SEMENCES**

Cette première partie est consacrée à la connaissance de la diversité variétale et à sa gestion par les paysans. Elle est présentée en deux articles.

- 1- Recent evolution of rice varietal diversity in Guinea. New parameters to assess *in situ* varietal diversity in crop plant.
- 2- Pratiques paysannes de gestion des semences et dynamique locale des variétés de riz cultivées en Guinée maritime.



## **CHAPITRE II :**

**RECENT EVOLUTION OF RICE VARIETAL DIVERSITY IN GUINEA.  
NEW PARAMETERS TO ASSESS *IN SITU* VARIETAL DIVERSITY IN CROP  
PLANT**

## CHAPITRE II : RECENT EVOLUTION OF RICE VARIETAL DIVERSITY IN GUINEA. NEW PARAMETERS TO ASSESS *IN SITU* VARIETAL DIVERSITY IN CROP PLANT

Barry M.B<sup>1</sup>, Diange A<sup>2</sup>, Sogbossi M.J<sup>2</sup>, Pham J.L<sup>3</sup>, Diawara S<sup>1</sup>, Ahmadi N<sup>4</sup>

1 : Institut de Recherche Agronomique de Guinée, PB 1523, Conakry, Guinée.

2 : WARDA, BP 2031, 01 Cotonou, Bénin

3 : UMR DGPC/ IRD, Av Agropolis, 34398 Montpellier Cedex 5, France.

4 : UR Peuplements de riz, CIRAD/CA, Av Agropolis, 34398 Montpellier Cedex 5, France.

(✉): [ahmadi@cirad.fr](mailto:ahmadi@cirad.fr)

Cet article est accepté avec "révisions mineures" dans le journal " Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization " .

### Résumé

L'état des lieux de la diversité variétale du riz en Guinée a été établi à partir de données d'enquêtes menées dans 1679 exploitations réparties dans 79 villages eux-mêmes répartis dans les 4 régions naturelles du pays. Les descripteurs utilisés sont le nombre de variétés connues et de variétés cultivées à différentes échelles, ainsi que leur taux d'utilisation. Ce dernier permet de classer les variétés en type majeur et mineur, au niveau village, et d'identifier des variétés de notoriété régionale et/ou nationale. Des indices de diversité *in situ* issus de l'adaptation de paramètres utilisés par les écologistes pour la description de la biodiversité en milieu naturel, ont aussi été calculés. Ils permettent de mieux appréhender les risques de perte de la diversité. La diversité variétale est très importante, en particulier dans les deux régions de vieille tradition rizicole, la Guinée forestière et la basse Guinée. Mais elle est aussi fragile du fait du faible taux d'utilisation d'un grand nombre de variétés. Cette structuration de la diversité étant façonnée par la grande diversité des agro-systèmes et par la faible maîtrise des autres facteurs de production par les paysans, les risques de perte de diversité semblent limités dans le contexte actuel. L'adoption assez massive des variétés modernes NERICA récemment diffusées ne se traduit pas par la réduction du nombre des variétés cultivées pré-existantes. Complémentaires de ces dernières, notamment par leur cycle court, elles semblent constituer plutôt un enrichissement de la diversité variétale.

Mots clefs: Riz, diversité *in situ*, indices de diversité, Guinée, Nerica

## Introduction

La Guinée est un pays de tradition rizicole très ancienne. Le récit d'Eustache de la Fosse « Voyage à la côte occidentale d'Afrique » 1479 - 1480 atteste la culture du riz en Guinée sur une grande échelle, bien avant l'introduction par les Portugais de variétés de riz asiatique *Oryza sativa*. C'est avec un échantillon obtenu en Guinée, que Steude a créé, en 1885, l'espèce africaine de riz cultivé, *Oryza glaberrima* (Godon 1991).

Aujourd'hui, avec quelque 600.000 ha, le riz occupe plus de 40% des surfaces cultivées du pays. La consommation par habitant, 90 kg/an, est une des plus élevées de l'Afrique. Alors que les besoins nationaux augmentent rapidement, la progression de la production est lente et vient plus de l'extension des surfaces cultivées que de l'augmentation des rendements (ORIZA-Guinée, 2005).

La situation géographique de la Guinée fait que l'on y rencontre la quasi-totalité des types de rizicultures possibles, et que le riz y est cultivé dans toutes les régions du pays (Figure 1). La riziculture pluviale, en systèmes de défriche-brûlis, est le type le plus répandu avec 65% des surfaces rizicultivées. Elle est pratiquée dans des unités morphopédologiques, des régimes pluviométriques et des niveaux de fertilité des sols très variés. Elle est présente dans toutes les régions du pays mais avec 2 régions de prédilection : la Guinée forestière (FG) et la Moyenne Guinée (MG). Les rizicultures d'eau douce (plaine fluviomarine, plaines d'inondation intérieures et bas-fonds) avec une grande diversité du régime hydrique, éventuellement modifié par des aménagements (riziculture d'inondation plus ou moins profonde pouvant aller jusqu'à la riziculture flottante, riziculture de décrue, riziculture irriguée avec maîtrise plus ou moins bonne de l'irrigation et du drainage), a une place très importante en Haute Guinée (UG) et en Guinée maritime ou Basse Guinée (LG). La riziculture "de mangrove", avec toutes ses variantes en fonction des aménagements réalisés pour lutter contre une salinité plus ou moins marquée, représente 16% des superficies rizicultivées et est circonscrite à la LG (Boun et al, 2001).

La diversité de ses écosystèmes rizicultivés fait de la Guinée un grand réservoir de diversité génétique du riz en Afrique de l'ouest (Ghesquière et Second, 1983). Le pays est considéré comme un centre de diversification de l'espèce cultivée *O. glaberrima* (Portères, 1950) et est proposé comme zone intéressante pour la conservation *in situ* des riz d'origine africaine (Bezançon, 1995).

Depuis plusieurs décennies, la Guinée, comme les autres pays de la région, a été soumise à un important flux de variétés améliorées (Dalton et Guei, 2003). L'Institut National de Recherche Agronomique de la Guinée (IRAG), a sélectionné et diffusé des variétés à haut potentiel de production pour tous les types de rizicultures, dans toutes les régions naturelles du pays. A partir de 1996, l'IRAG, en liaison avec le Service National de la Promotion Rurale et de la Vulgarisation (SNPRV) et le West African Rice Development Association (WARDA), a entrepris une vaste action d'évaluation participative et de diffusion de nouvelles variétés de riz pluvial créées par le WARDA. Ces variétés issues de croisement entre *O. sativa* et *O. glaberrima* sont connues sous le nom générique de NERICA, New Rice for Africa (Jones et al, 1997).

L'expérience de la révolution verte en Asie a montré que l'introduction de variétés améliorées de riz pouvait se traduire par la disparition des variétés locales (Bellon et al, 1997). C'est pourquoi, en Guinée, l'incidence des flux de variétés améliorées sur le maintien de la diversité des variétés locales de riz, constitue une préoccupation. Pour répondre à cette préoccupation, un état des lieux de la diversité variétale des riz utilisés et conservés *in situ* par les exploitations a été entrepris dans les quatre régions naturelles du pays. Le nombre de variétés cultivées par exploitation ou par village mis à part, la littérature est très peu fournie en

Table II-1: Regional level rice cultivation figures, sampling figures and rice knowledge figures

	Lower Guinea (LG)	Middle Guinea (MG)	Upper Guinea (UG)	Forest Guinea (FG)	Whole Guinea
Rice cultivated area (ha)	217 000	45 000	198 000	179 000	639 000
Rice area % of total cultivated area	54	16	47	87	-
Upland rice area (%)	31	65	60	89	376 800
Lowland rice area (%)	16	34	40	11	147 200
Mangrove rice area (%)	53	0	0	0	115 000
Total number of prefectures	10	8	9	6	33
Number of NERICA prefectures	4	4	3	4	15
Number of prefectures surveyed	4	2	3	3	12
Number of surveyed villages (NSV)	32	12	18	17	79
Number of NERICA villages	10	4	6	6	26
Number of satellite villages	22	8	12	11	53
Number of surveyed farms (NSF)	726	240	361	370	1697
NKDV	292	52	105	285	669
NCDV	153	36	74	165	387
NKDV/NCDV	0.52	0.69	0.70	0.58	0.58
NKDV/NSF	0.40	0.22	0.29	0.77	0.39
NCDV/NSF	0.21	0.15	0.20	0.45	0.23
NKDV/NSV	9.13	4.33	5.83	16.76	8.47
NCDV/NSV	4.78	3.00	4.11	9.71	4.90

NKDV: Number of known distinct varieties; NCDV: Number of cultivated distinct varieties

paramètres descriptifs de la diversité *in situ* d'espèces cultivées. Pour y remédier nous avons adapté des indices utilisés par les écologistes pour la description de la biodiversité en milieu non anthropisé. Nous présentons ici les résultats de l'état des lieux, proposons quelques nouveaux paramètres et notions pour décrire la diversité variétale *in situ* d'une plante cultivée, et analysons l'état de cette diversité *in situ* en Guinée en terme de risques de perte de diversité du riz.

## 1. Matériels et méthodes

### 1.1. Echantillonnage des villages et des exploitations

Dans chacune des 4 régions naturelles du pays, les préfectures dans lesquelles un ou plusieurs villages ont fait l'objet d'une opération récente d'introduction de variétés NERICA sont inventoriés et 1 ou 2 de ces villages sont tirés au hasard. Pour chaque village d'introduction de NERICA tiré, on choisit 2-3 villages voisins qui sont considérés comme effectuant des échanges avec le village d'introduction. Ces villages satellites représentent près de 70% du nombre total de l'échantillon de villages (Tableau II-1). Finalement, dans chaque région le nombre de villages d'étude retenus est égal à environ 5% du nombre total de villages recensés dans la région. Dans chaque village d'étude, un nombre d'exploitations équivalent à environ 10% du nombre total d'exploitations du village est tiré au hasard. Cet échantillonnage a conduit à retenir 1697 exploitations réparties dans 79 villages (Tableau II-1).

### 1.2. Enquête sur la connaissance et l'utilisation des variétés de riz

**Inventaire des variétés de riz connues dans chaque village :** dans chaque exploitation une « liste individuelle de variétés connues » est établie. Pour ce faire, on dresse, avec le chef de l'exploitation, la liste nominative de toutes les variétés de riz qui, à sa connaissance, ont existé dans le village. Puis on lui demande de classer chacune des variétés de la liste dans une des catégories variété locale (LV), variété améliorée (IV) et variété NERICA. Les listes individuelles des exploitations interviewées sont ensuite fusionnées pour constituer la « liste des variétés connues dans le village » et déterminer le nombre de variétés connues dans le village (NKV).

**Quantification de l'utilisation des variétés de riz dans le village :** Une fois la « liste des variétés connues dans le village » établie, chaque chef d'exploitation de l'échantillon est interviewé une seconde fois, pour indiquer année par année, pour la période 1996 à 2001, les variétés qu'il a cultivées parmi les variétés de la liste village. Cette enquête est réalisée en 2002 et 2003. A partir de ces données une matrice de fréquence d'utilisation de chaque variété connue du village est établie pour chaque année de la période d'étude.

### 1.3. Analyse des données

Les statistiques suivantes ont été calculées au niveau village pour chaque année de la période d'étude, en adaptant (Diagne et al, 2005) les indices de biodiversité de Simpson (Simpson, 1948 ; Magurran, 1988).

$$B_0 = \sum_{j=1}^{J_k} \mathbb{1}_{[P_j > 0]}$$

$$B_1 = J_k - \sum_{j=1}^{J_k} (1 - P_j) = \sum_{j=1}^{J_k} P_j$$

$$B_s = \sum_{j=1}^{J_k} P_j (1 - P_j) = B_1 - \sum_{j=1}^{J_k} P_j^2$$

$$B_2 = J_k - \sum_{j=1}^{J_k} (1 - P_j)^2 = B_1 + B_s.$$

Où  $J_k$  est le nombre total de variétés connues dans le village ;  $P_j$  est la proportion de paysans dans le village cultivant la variété  $j$  et  $1_{[P_j > 0]}$  est une fonction indicatrice prenant la valeur 1 quand  $P_j > 0$  et la valeur zéro dans les autres cas.

$B_0$  est le résultat du comptage des variétés cultivées dans le village (NCV).  $B_1$  est le résultat du comptage des variétés cultivées dans le village, pondéré par la proportion de paysans qui cultivent chaque variété.  $B_1$  est donc aussi le nombre moyen de variétés cultivées par paysan.  $B_1$  permet de distinguer deux villages qui cultivent le même nombre de variétés mais avec des proportions différentes de paysans cultivant chaque variété.  $B_s$  mesure l'homogénéité de la distribution des proportions de paysans qui cultivent chaque variété cultivée du village. La valeur de  $B_s$  augmente avec l'homogénéité de la distribution des proportions.  $B_2$  synthétise les informations données par  $B_1$  et  $B_s$ .

Les indices  $B_0$ ,  $B_1$  et  $B_2$  sont décomposables. Ce qui veut dire qu'ils peuvent être calculés pour différentes catégories (LV, IV et NERICA) du même village.

**Identification de variétés majeures et mineures au niveau village:** Dans chaque village, chacune des variétés cultivées a été classée dans la catégorie de *variété majeure* lorsque le nombre d'exploitations qui la cultivait en 2001 était supérieur à 50% des exploitations enquêtées dans le village, et dans la catégorie de *variété mineure* lorsque la proportion était inférieure à 50%.

**Inventaires régionaux et national du nombre de variétés distinctes :** Les listes villageoises de NKV et NCV ont été fusionnées pour constituer des listes régionales des variétés distinctes connues (NKDV) et des variétés distinctes cultivées (NCDV). Enfin, les listes régionales ont été fusionnées pour constituer une liste nationale.

**Table II-2: Number of known and cultivated varieties at the village level in four regions of Guinea**

	Type of variety	Number of known varieties				Number of cultivated varieties								
		2001				1996	1997	1998	1999	2000	2001			
		Mean	Std	Mini	Maxi	Mean	Mean	Mean	Mean	Mean	Mean	Std.	Mini	Maxi
Lower Guinea (32 village)	All varieties	24.59	11.44	10	63	8.50	9.20	10.30	10.30	10.70	11.78	6.21	4	36
	Local	21.72	10.7	7	58	7.00	7.90	8.60	8.70	9.00	10.00	6.25	2	35
	Improved	2.87	2.39	0	9	1.00	1.20	1.60	1.60	1.70	1.78	1.41	0	5
	NERICA	0.56	0.88	0	4	0.00	0.10	0.20	0.20	0.30	0.34	0.55	0	2
Middle Guinea (12 villages)	All varieties	10.5	3.18	6	16	5.60	5.70	5.70	6.30	6.80	7.42	2.5	4	11
	Local	8.67	4.12	4	14	5.20	5.20	5.00	5.70	5.90	5.83	3.49	1	10
	Improved	2.01	1.22	0	4	0.30	0.50	0.70	0.70	0.80	1.58	0.83	0	2
	NERICA	0.75	0.62	0	2	0.00	0.00	0.20	0.20	0.20	0.75	0.62	0	2
Upper Guinea (18 villages)	All varieties	16.39	7.57	8	33	7.50	7.30	8.70	9.10	9.60	11.17	3.31	7	21
	Local	11.89	7.12	2	28	6.50	6.50	7.10	6.80	7.20	7.56	2.85	2	15
	Improved	4.5	1.5	1	6	0.70	0.80	1.60	2.30	2.40	3.61	1.34	1	5
	NERICA	1.33	0.69	0	2	0.00	0.00	0.60	1.20	1.30	1.17	0.62	0	2
Forest Guinea (17 villages)	All varieties	33.06	17.04	9	67	13.30	15.50	17.40	18.10	18.90	19.24	8.69	6	37
	Local	27.06	15.35	8	61	11.80	11.80	14.20	15.00	15.60	15.90	8.33	6	35
	Improved	5.01	4.09	0	17	1.10	2.60	3.20	3.20	3.20	3.18	1.11	0	3
	NERICA	3.12	2.5	0	8	0.00	1.40	1.80	1.70	1.70	1.76	1.52	0	5

Improved varieties include NERICA

**Table II-3: *In situ* diversity indices in 2001 calculated at the village level for the four regions of Guinea**

		<i>B0</i>		<i>B1</i>		<i>BS</i>				<i>B2</i>				<i>BS/B0</i>	<i>B2/B0</i>	
		Mean	Mean	Std.	Mini	Maxi	Mean	Std	Mini	Maxi	Mean	Std.	Mini			Maxi
Maritime Guinea	All varieties	11.8	2.62	1.09	1.22	6.62	1.38	0.58	0.48	2.53	4.01	1.57	2.01	8.03	0.23	0.34
	Local	10.0	2.05	1.08	0.38	5.62	1.05	0.49	0.30	1.94	3.11	1.50	0.69	7.03	0.21	0.31
	Improved	1.8	0.43	0.48	0.00	2.23	0.22	0.21	0.00	0.76	0.66	0.65	0.00	2.80	0.25	0.37
	NERICA	0.3	0.06	0.13	0.00	0.04	0.08	0.12	0.00	0.29	0.10	0.21	0.00	0.94	0.47	0.29
Middle Guinea	All varieties	7.4	2.52	0.56	1.31	3.71	1.26	0.25	0.82	1.63	3.79	0.74	2.13	4.97	0.34	0.51
	Local	5.8	1.89	0.75	0.50	2.91	0.95	0.37	0.25	1.53	2.84	1.02	0.75	4.10	0.33	0.49
	Improved	1.6	0.62	0.54	0.00	1.51	0.31	0.28	0.00	0.90	0.94	0.82	0.00	2.41	0.39	0.59
	NERICA	0.8	0.22	0.28	0.00	0.75	0.10	0.10	0.00	0.43	0.32	0.37	0.00	1.18	0.27	0.43
Upper Guinea	All varieties	11.2	2.80	0.49	0.16	3.53	1.63	0.28	0.15	2.36	4.43	0.71	0.32	5.72	0.29	0.40
	Local	7.6	2.13	0.45	0.16	3.06	1.20	0.26	0.15	1.79	3.34	0.65	0.32	4.42	0.32	0.44
	Improved	3.6	0.66	0.36	0.00	2.40	0.41	0.20	0.00	1.05	1.08	0.57	0.00	3.45	0.23	0.30
	NERICA	1.2	0.42	0.28	0.00	1.66	0.26	0.15	0.00	0.61	0.68	0.44	0.00	2.28	0.44	0.58
Forest Guinea	All varieties	19.2	3.97	2.06	1.13	8.20	1.96	0.86	0.66	3.60	5.93	2.61	2.12	11.80	0.20	0.31
	Local	15.9	3.48	1.80	1.13	7.47	1.67	0.76	0.58	2.87	5.15	2.26	2.12	10.33	0.21	0.32
	Improved	3.2	0.20	0.29	0.00	0.83	0.12	0.19	0.00	0.73	0.33	0.46	0.00	1.47	0.08	0.10
	NERICA	1.8	0.28	0.39	0.00	1.23	0.21	0.25	0.00	0.77	0.49	0.64	0.00	1.99	0.24	0.28

Improved varieties include NERICA



## 2. Résultats

### 2.1. La richesse variétale villageoise

Le nombre de variétés connues (NKV) dans les villages d'étude est très variable entre régions et pour une région donnée entre les villages (Tableau II-2). La région FG avec une moyenne de 33 variétés connues par village et un maximum de 67 variétés est largement en tête. A l'opposé, c'est en MG que l'on a les valeurs les plus faibles de variétés connues par village. Le nombre de variétés locales (LV) et de variétés améliorées (IV) connues est proportionnel au NKV total. Dans toutes les régions et tous les villages, les LV représentent une part très importante des NKV, 72 à 88%. Les variétés NERICA représentent près de 10% des variétés connues sauf en LG où elles ne représentent que 2% des NKV. Les différences entre régions pour le NKV semblent épouser celles de l'importance et de l'ancienneté de la riziculture.

**Le nombre de variétés cultivées :** Le nombre moyen de variétés cultivées, NCV, suit les mêmes variations que celui du NKC, mais les écarts entre régions et entre villages d'une même région, sont moins importants (Tableau II-2). La région GF avec une moyenne de plus de 19,2 NCV par village en 2001 est très largement en tête ; le NCV maximum est de 37. A l'opposé, en MG le NCV n'est en moyenne que de 7,4 pour la même année. Les variétés locales représentent dans toutes les régions environ 80-85 % des NCV sauf dans la région UG où elles ne représentent que 68%. Les variétés NERICA représentent environ 10% des variétés cultivées, sauf en LG où la proportion est de seulement 3%.

Le rapport NCV / NKV des villages varie sensiblement d'une région à l'autre : 47% en LG et 70% en MG pour toutes les variétés et 46% (LG) à 67% (MG) pour les LV. Cette proportion est bien plus importante pour les variétés modernes de 62% en LG à 80% en UG. La variabilité inter régionale du rapport NCV/NKV est particulièrement importante pour les NERICA : 56%, 60%, 87% et 100%, respectivement en FG, LG et UG, et MG.

### 2.2. Evolution du nombre de variétés cultivées

Au cours de la période 1996-2001, le NVC par village a augmenté dans toutes les régions (Tableau II-2). Cette augmentation, 25 à 33% selon les régions, affecte aussi bien les LV que les IV. Elle est cependant beaucoup plus importante pour les IV, 40 à 80%, que pour les LV, environ 10 à 30%. La progression relative des IV semble sensiblement moins importante dans les deux régions de plus grande importance rizicole, FG et LG.

Inexistante en 1996, la culture des NERICA a fortement progressé au cours de la période 1996-2001. Cette progression est cependant contrastée selon les régions. En 2001, elles représentent de 19% des IV en LG, à plus de 55% en FG. Le nombre de IV non NERICA a lui aussi progressé, de 10% en FG, à 50% en UG. La contribution des NERICA à la progression du NCV des IV est de ce fait assez variable selon les régions : 40% en LG et UG, 60% en MG et 80% en FG.

### 2.3. Taux d'utilisation des variétés

#### Le nombre de variétés cultivées par exploitation

Le nombre moyen de variétés cultivées par exploitation mesuré par l'indice  $B_1$  oppose la région FG aux trois autres régions. (Tableau II-3). Alors que la moyenne des  $B_1$  des villages GF est de 3,97 et que le maximum atteint 8,2 variétés par exploitation, elle est de l'ordre de 2,5 variétés par exploitation dans les autres régions. La variabilité intra régionale du  $B_1$  est aussi assez importante. Dans certains villages de UG, toutes les exploitations ne cultivent pas du riz et de ce fait,  $B_1$  est inférieur à 1.

**Table II-4: Number of major and minor varieties at the village level in the four regions of Guinea**

		NSF	NCV	Major varieties			Minor varieties				
				All varieties	Local varieties	Improved varieties	NERICA	All varieties	Local varieties	Improved varieties	NERICA
Maritime Guinea	Mean	19.31	11.25	1.78	1.38	0.41	0.09	9.47	7.94	1.53	0.38
	Std	0.94	0.94	0.94	0.94	0.94	0.94	0.94	0.94	0.94	0.94
	Mini	6.00	4.00	0.00	0.00	0.00	0.00	3.00	2.00	0.00	0.00
	Maxi	51.00	23.00	6.00	4.00	3.00	1.00	22.00	19.00	5.00	2.00
Middle Guinea	Mean	20.00	7.33	0.75	0.50	0.25	0.17	6.58	5.25	1.33	0.58
	Std.	7.39	2.35	0.75	0.67	0.45	0.39	2.02	3.02	1.30	0.51
	Mini	15.00	4.00	0.00	0.00	0.00	0.00	4.00	2.00	0.00	0.00
	Maxi	30.00	11.00	2.00	2.00	1.00	1.00	11.00	10.00	3.00	1.00
Upper Guinea	Mean	20.00	11.28	1.83	1.22	0.61	0.17	9.44	6.39	3.06	1.22
	Std.	7.28	3.25	0.99	0.88	0.78	0.38	3.33	2.79	1.47	0.88
	Mini	15.00	8.00	0.00	0.00	0.00	0.00	5.00	2.00	1.00	0.00
	Maxi	30.00	21.00	3.00	3.00	3.00	1.00	19.00	14.00	6.00	4.00
Forest Guinea	Mean	21.94	19.00	2.71	2.41	0.29	0.12	16.29	13.71	2.59	1.76
	Std.	7.24	8.05	3.00	2.67	0.59	0.33	9.85	9.20	2.18	1.64
	Mini	13.00	6.00	0.00	0.00	0.00	0.00	2.00	2.00	0.00	0.00
	Maxi	34.00	33.00	11.00	10.00	2.00	1.00	32.00	29.00	7.00	5.00

NSF: Number of surveyed farmers per village; NCV: Number of cultivated varieties per village. Improved varieties include NERICA.

Tableau II-5: List of the 20 most notorious varieties at the regional level and at the national level

Lower Guinea			Middle Guinea			Upper Guinea			Forest Guinea			Whole Guinea				Region
Varieties	% SV	% SF	Varieties	% SV	% SF	Varieties	% SV	% SF	Varieties	% SV	% SF	Varieties	% SV	% SF	% SR	
<i>Kogna</i>	38	6	Saïdouba	50	16	Kaoulaka	72	30	<b>Nerica 91</b>	76	11	Kaoulaka	33	12	100	All
Dalofode	31	8	<b>Nerica 91</b>	50	13	<b>Nerica 28</b>	72	28	Panthe rouge	59	12	<b>Nerica 28</b>	35	11	100	All
<b>Rok 5</b>	28	16	Yaakaa	50	6	Nankin	72	27	Samaka	53	31	Samaka	19	9	100	All
Makeni	28	11	Tinsibé	42	16	<b>CK 73</b>	50	12	Bandjuluka	53	14	Chinois	15	6	75	HG, MG, GF
Djou Kèmè	25	16	Kaoulaka	42	11	Fodeyama	33	15	Chinois	47	20	Djou Kèmè	25	9	50	HG, GF
Moromi	25	15	<b>IAC 164</b>	42	6	Samaka	33	11	Djou Kèmè	47	9	Moromi	11	7	50	LG, MG
Karia	25	11	<b>CK 21</b>	33	4	Forotoko	33	9	<b>Nerica 28</b>	47	8	Bloki	8	6	50	HG, FG
Koyadi	25	6	Chinois	25	10	Gbètè	28	9	Panthe Gbe	41	7	<b>Nerica 91</b>	25	4	50	FG, MG
<i>Samanden</i>	25	4	<i>Samanden K</i>	25	7	Sonsompolo	28	9	Bloki	35	26	<b>CK 73</b>	18	4	50	LG, HG
Sambankonko	22	9	Younoussa	25	6	Karibonka	22	7	Kouloukwele	35	21	Fodeyama	8	3	50	LG, HG
Guilambo	22	5	Zerekore	25	5	Thio-Thio	22	7	Kaoulaka	35	17	<b>Rok 5</b>	13	7	25	LG
Wonkfong	19	13	Kountoun	25	4	<b>R 12</b>	22	4	Kereka	35	12	<b>Nankin</b>	16	6	25	HG
<b>Nerica 28</b>	19	7	Maro Bhalé	25	3	<b>Nerica 91</b>	22	4	Galawean	35	11	Wonkifong	8	6	25	LG
Kaleguia	19	5	<b>Nerica</b>	17	13	Denki	17	6	Tyo-Tyo	35	9	Makeni	11	5	25	LG
Dissi Gbeli	16	6	Guékédou	17	3	Karossabanigbe	17	5	Wakawaka	29	13	Karia	10	5	25	LG
Thiana	16	6	Kissi Koro	17	2	Bintiama	17	4	<b>CK 211</b>	24	13	Kouloukwele	8	5	25	FG
<b>IAC 164</b>	16	6	Kissi Male B	17	2	Gbramakori	17	4	Tinkan	24	6	Sambankonko	9	4	25	LG
Toyane	13	8	<i>Samanden</i>	8	5	Mereke	17	4	Fossa	18	6	Dalofode	13	4	25	LG
Kablack	9	5	Sounkarouya	8	5	<b>CK 4</b>	11	7	<b>WABV3</b>	18	5	Toyane	5	4	25	LG
<i>Sagnakhi</i>	9	4	<b>Lap-23</b>	8	3	Masantefonido	11	4	Bouakeka	12	9	Fossa	15	3	25	LG
Total	726	32		12	240		18	361		17	370		79	1697	4	

% NSF, % NSV and % NSR: respectively, percentage of surveyed farmers, villages and regions, out of the total, cultivating the variety; Variety name in *italics*: *Oryza glaberrima* variety. Variety name in **bold**: Improved variety. LG: Lower Guinea, MG: Middle Guinea, UG: Upper Guinea; FG: Forest Guinea.

Le rapport  $B_1/NCV$ , ou  $B_1/B_0$ , varie peu entre régions lorsque l'on considère toutes les variétés, 20% en LG et FG, 34% en MG. Les différences régionales de  $B_1/B_0$ , sont plus importantes pour les IV, 6 à 39%, et pour les NERICA, 16 à 36%. Dans une région donnée, le ratio  $B_1/B_0$  n'est pas le même pour les différentes catégories de variétés, LV, IV et NERICA, mais aucune tendance générale ne se dégage. Dans aucune région et pour aucune catégorie  $B_1/B_0$  ne dépasse 40%.

#### **Abondance et degré de conservation de la diversité variétale**

Les statistiques régionales des indices d'abondance,  $B_s$ , et de conservation,  $B_2$ , de diversité variétale sont donnés en Tableau II-3. Globalement les valeurs de ces indices sont faibles en comparaison avec les valeurs de  $B_0$  et de  $B_1$ . Ceci indique -1- une variabilité importante dans les proportions d'exploitations qui cultivent chaque variété d'un village et -2- qu'un grand nombre de variétés présentes dans les villages ne sont cultivées que par un petit nombre d'exploitations. Les valeurs les plus élevées de  $B_s$  et  $B_2$  sont observées en FG. Les valeurs minima de  $B_s$  et  $B_2$  indiquent l'existence dans chaque région de villages qui ne cultivent aucune IV. La comparaison des rapports  $B_s/B_0$  et  $B_2/B_0$  révèle un taux d'utilisation moyenne des variétés plus élevé dans les régions MG et UG. Il semble que dans ces régions le nombre relativement faible de variétés cultivées  $B_0$  est compensé par un taux d'utilisation plus grande de chaque variété. Ceci peut être indicateur, soit d'une diversité moins importante des conditions de culture au sein des villages de ces régions, soit d'une technicité et/ou exigences moins importantes vis-à-vis des variétés de riz. On ne détecte pas de différences sensibles des indices  $B_s$  et  $B_2$  selon les catégories de variétés puisque les rapports  $B_s/B_0$  et  $B_2/B_0$  par catégorie de variétés sont du même ordre de grandeur, respectivement 15 et 30%. Il y a cependant une plus grande variabilité inter-régionale de ces rapports pour les IV et NERICA que pour les LV. Les valeurs plus élevées  $B_2/B_0$  en MG et UG laissent penser que dans ces régions les IV, et en particulier les NERICA, sont cultivées par une proportion plus importante des exploitations.

#### **Variétés majeures et mineures au niveau village**

Le décompte des variétés majeures par village révèle des différences importantes entre régions et à l'intérieur des régions (Tableau II-4). La FG est largement en tête avec une moyenne de 2,7 variétés majeures par village et un maximum de 10 variétés majeures. A l'opposé, le nombre de variétés majeures n'est que de 0,75 en MG. En moyenne, les variétés majeures représentent 10 à 15% des variétés cultivées de chaque village. Mais il existe, dans toutes les régions, des villages qui n'ont aucune variété majeure. La plupart des variétés majeures appartiennent à la catégorie LV. Les IV ne représentent, selon les régions, que 10 à 30% des variétés majeures d'un village. Les NERICAs ne représentent, en moyenne, que 5% des variétés majeures, sauf en MG où elles représentent 30%.

## **2.4. Diversité variétale régionale et nationale**

**Richesse variétale :** Les nombres totaux de variétés distinctes connues (NKDV) et de variétés distinctes cultivées (NCDV), identifiées dans l'échantillon des 1697 exploitations enquêtées dans les 4 régions, s'élèvent à 669 et 387, respectivement. En terme absolu, les régions FG et LG recèlent une richesse variétale, aussi bien NKDV que NCDV, largement supérieure aux 2 autres régions (Tableau II-1). Ramené au nombre d'exploitations enquêtées, la différence de la région FG se maintient et celle de LG diminue pour le NCDV. Le ratio NCDV/NKDV est de 58% à l'échelle nationale. Il varie sensiblement entre régions de 52% en LG à 70% en UG.

**Variétés de notoriété régionale et nationale :** Les listes des 20 variétés cultivées par le plus grand nombre d'exploitations enquêtées, à l'échelle de chacune des 4 régions et à l'échelle nationale sont données en Tableau II-5. En LG, aucune variété n'est cultivée dans plus de

50% des villages. Dans les autres régions il en existe 3 ou 4. C'est en FG et en UG que l'on trouve les variétés à large notoriété régionale, cultivées dans 75% des villages.

La quasi totalité des 20 variétés les plus cultivées de chaque région sont cultivées dans plus de 20% des villages de la région. Par contre, la proportion des exploitations qui cultivent la variété de plus grande notoriété de chaque région est beaucoup moins importante. Elle varie de 16 à 31% selon les régions. Le nombre de variétés de notoriété régionale cultivées par plus de 10% des exploitations est de seulement 6 dans les régions LG, MG et UG, et de 12 en GF.

Il n'y pas de coïncidence systématique entre la notoriété régionale et le statut de variété majeure au niveau des villages individuels. C'est le cas, par exemple, de la variété Nerica 91 en FG. Elle est présente dans 76% des villages mais est cultivée par seulement 11% des exploitations. Du fait de sa large diffusion, Nerica 91 est une variété de notoriété régionale, sans être une variété majeure au niveau des villages individuels. Dans la même région, la variété Samaka est présente dans seulement 53% des villages mais est cultivée par 31% des exploitations. Samaka tient sa notoriété régionale du fait qu'elle est une variété majeure dans plusieurs villages.

Comme à l'échelle village, les LV constituent 70 à 85% des 20 variétés de notoriété régionale. Les variétés NERICAs ne représentent, elles, que 5% de ces variétés en LG, MG et UG et 10% en FG.

Le nombre de variétés de notoriété nationale est très faible. Seulement 8 variétés sont présentes dans plus d'une région, et seulement 3 d'entre elles sont présentes dans les 4 régions et sont cultivées par plus de 10% des exploitations enquêtées. Les 5 premières variétés de notoriété nationale sont aussi celles cultivées dans le plus grand nombre de villages et d'exploitations.

Parmi les 20 variétés les plus cultivées par le plus grand nombre d'exploitations au niveau national, 5 sont des IV dont 2 des NERICAs. La Nerica 28 est la seconde variété de notoriété nationale. La plupart des LV de cette liste a, dans un passé plus ou moins lointain, subi une sélection massale en station de recherche et a fait l'objet d'opérations de diffusion par les services de vulgarisation.

### **3. Discussion**

L'état des lieux de la diversité variétale, prenant en compte simultanément les échelles exploitations, villages, régions et pays, qui vient d'être présenté est l'une des tous premiers, sinon le premier du genre pour les plantes cultivées d'une manière générale et pour le riz en particulier. Les noms des variétés, des exploitations et des villages étant dûment enregistré il sera possible de réaliser à l'avenir une étude diachronique de l'évolution de la diversité variétale du riz en Guinée.

Notre échantillonnage village est biaisé par notre choix de départ de concentrer l'étude dans et autour des villages ayant fait l'objet d'une opération récente de diffusion de nouvelles variétés de riz pluvial. Mais ce choix se justifie si l'on admet l'hypothèse que ces villages ne diffèrent des autres que par l'occurrence de l'opération de diffusion de nouvelles variétés améliorées et que cette opération augmente les risques de perte de variétés locales. Pour des raisons logistiques l'échantillonnage des préfectures n'est pas parfaitement équilibré entre les régions mais le nombre total de villages et d'exploitations enquêtées reste proportionnel à l'importance relative de la riziculture dans les régions. Nos données constituent donc une estimation basse de la diversité régionale.

Le nombre de variétés cultivées observées aux niveaux des exploitations et des villages est comparable à ceux rapportés dans la littérature (Labmert, 1985 ; Dennis, 1987; Vaughan et Chang, 1992 ; Lando et al, 1994 ; Kshirsagar 2002 ; Pham et al, 2002), plusieurs dizaines de variétés de riz par village et plusieurs variétés par exploitation, pour différents pays d'Asie.

Le NKV et le NCV par exploitation, par village et par région semblent fortement liés à l'ancienneté et à l'importance de la riziculture dans la région et à la place du riz dans l'alimentation. En effet c'est dans les régions LG et FG où le riz est l'aliment de base que la richesse variétale est la plus importante. A l'opposé, les régions MG et UG dont l'aliment de base traditionnel est le Fonio (*digitaria exilis*), le sorgho et le mil, sont beaucoup moins riches en variétés de riz.

Nous avons adapté à l'évaluation de diversité variétale d'une plante cultivée, utilisée et conservée *in situ* par les agriculteurs, les indices utilisés par les écologistes pour mesurer la biodiversité des espèces, en milieu naturel (Simpson 1949 ; Patil, & Taillie, 1982 ; Magurran, 1988 ; Simpson, 2002). En terme de biodiversité,  $B_0$  est le *species count*,  $B_1$  est une mesure de *Species abundance* ou *Biodiversity amount*,  $B_s$  mesure le *Conservation level*. N'étant pas une fonction partout croissante,  $B_s$  décroît lorsque la proportion des paysans cultivant la variété dépasse les 50% ( $P_j > 0.5$ ).  $B_2$  synthétise les informations données par  $B_1$  et  $B_s$  et mesure à la fois le *Biodiversity amount* et le *Conservation level* de la diversité variétale au niveau d'un village. Le classement des variétés en types majeur et mineur confirme les informations données par les indices  $B_s$  et  $B_2$ . Dans chaque village un petit nombre de variétés seulement, 10 à 15% du total, sont cultivées par plus de 50% des agriculteurs. Les autres variétés ne sont cultivées chacune que par 5 à 20% des agriculteurs. Il est souhaitable que l'utilisation de ces indices soit généralisée dans les études de diversité *in situ* de plantes cultivées de manière à faciliter les comparaisons entre données dans des lieux et à des dates différentes. Ces indices étant décomposables, on peut aussi comparer la situation de différentes catégories de variétés pour un même lieu et une même date.

Les valeurs des indices  $B_s$  et  $B_2$  dans nos villages d'étude se situent entre 20 à 50% de leurs valeurs maximums théoriques qui, pour un village donné, sont égales respectivement à  $B_0/2$  et  $B_0$ . Ceci indique que les proportions de paysans d'un village qui utilisent chacune des variétés du village sont faibles et hétérogènes. Si l'on admet que, dans un village donné, le risque de perte d'une variété est lié à proportion de paysans qui cultivent cette variété, on peut considérer que les risques de perte de variétés sont importants. Il existe des différences non négligeables de *Conservation level* entre régions. Les risques de perte de variétés semblent plus importants dans les régions de grande tradition rizicole, LG et FG, que dans les MG et UG. Ces dernières ont relativement peu de variétés mais utilisent chacune d'elle plus intensément. Il ne semble pas y avoir de différences sensibles de risque de pertes entre types variétaux.

Si les indices de diversité constituent de bons outils d'analyse comparative de la diversité *in situ*, leur interprétation en terme de risque de perte de diversité doit être modulée en fonction des systèmes de production. En effet, la traduction directe des indices  $B_s$  et  $B_2$  en risque de perte suppose que toutes les variétés ont la même valeur d'usage ou valeur adaptative et sélective. Or, cette hypothèse est rarement vérifiée dans les agricultures de subsistance où, faute de pouvoir uniformiser les conditions de production, l'agriculteur adapte ses pratiques à la diversité des conditions de production. Une des variables de cette adaptation des pratiques est le choix variétal (Brush and Meng 1998 ; Cox et Wood, 1999). Ceci suppose la disponibilité d'une large gamme variétale, où chaque variété a une valeur adaptative propre. L'existence de variétés majeures et de variétés mineures répond à ce besoin. Les risques de perte sont donc limités en l'absence de changement des conditions de culture. Dans le cas de la Guinée, les évolutions de l'environnement de la production étant lentes, on peut considérer qu'à court terme les risques de perte des variétés mineures sont limités, à moins que les variétés améliorées nouvellement diffusées soit mieux adaptées aux niches écologiques qu'elles occupent.

Les données de NCV pour la période 1996–2001 font état d'une augmentation du nombre de variétés cultivées par exploitation et par village dans les 4 régions. Les phénomènes



explicatifs de cette augmentation apparente sont multiples et ne sont pas les mêmes pour toutes les catégories de variétés. Pour les LV, la progression apparente de NCV est vraisemblablement liée, en grande partie, à la méthode d'enquête qui s'appuie sur la mémoire des paysans sur plusieurs années. Les paysans se souviennent mieux des variétés qu'ils ont cultivées en 2001, l'année précédant l'enquête, que 7 ans plus tôt en 1996. La progression du NCV des IV est liée, d'une part à l'effet mémoire évoqué plus haut d'autre part aux actions de vulgarisation vigoureuses entreprises par le SNPRV appuyé par l'IRAG et le WARDA. Comme ces actions ne portaient pas uniquement sur des variétés NERICA mais sur une gamme plus large de IV, l'adoption de IV non NERICA a aussi progressé. En tout état de cause, l'introduction des IV, NERICA ou non, ne semble pas avoir diminué le nombre de LV cultivées dans les villages.

En contradiction avec les données d'évolution de NCV pour la période 1996–2001, les ratios NCV/NKV, qui varient de 0.45 à 0.87, laissent supposer une perte importante de variétés. L'analyse des pratiques de gestion des variétés et des semences (Barry et al, 2006b) offre une autre interprétation. Les écarts entre NCV et NKV traduisent le caractère dynamique de l'utilisation et de la conservation *in situ* des variétés de riz en Guinée. Régulièrement, les paysans introduisent de nouvelles variétés, les expérimentent, les conservent ou les rejettent. De ce fait, ils connaissent bien plus de variétés qu'ils n'en cultivent.

Nos données indiquent qu'en 6-7 ans, plusieurs nouvelles IV de riz pluvial, en particulier Nerica 28 et Nerica 91, ont atteint le statut de variétés de notoriété régionale et/ou nationale. Ceci peut être considéré, à première vue, comme une menace pour le maintien des variétés pré-existantes. Mais nos données indiquent aussi qu'au cours de cette période le nombre de variétés cultivées n'a diminué ni au niveau des exploitations, ni à celui des villages. Cette situation paradoxale ne s'explique que si l'on admet que les caractéristiques des nouvelles IV qui constituent une valeur sélective positive, entraînant leur adoption par les paysans, ne sont pas de type concurrentiel avec ceux des variétés pré-existantes mais de type complémentaire. Les premières observations sur le terrain semblent confirmer l'hypothèse de la complémentarité. Avant tout c'est par leur cycle court qu'elles séduisent. Car cela répond au besoin d'une récolte précoce pour la période de soudure, donne plus de flexibilité au calendrier cultural et permet d'augmenter les surfaces cultivées en riz dans l'exploitation. Elles permettent aussi d'élargir l'aire de production à des zones de plus courte saison des pluies. Ce phénomène est particulièrement vrai en MG où le cycle court des nouvelles IV a permis leur intégration dans des systèmes de culture à base de pomme de terre et, de ce fait, une augmentation importante des surfaces cultivées en riz pluvial. Ainsi, en permettant d'élargir la gamme des longueurs de cycle des variétés de riz dans les exploitations, les nouvelles IV semblent s'ajouter aux variétés existantes et non pas les remplacer. Elles ne semblent donc pas être une menace pour le maintien de la diversité mais plutôt une source d'enrichissement. Les données sur les variétés de notoriété régionale et nationale indiquent aussi que peu de variétés sont présentes dans plusieurs villages d'une région ou dans plusieurs régions du pays. Et même celles qui ont cette notoriété régionale et/ou nationale sont rarement cultivées par plus de 10-15% des agriculteurs de l'échelle considérée. Or la plupart de ces variétés, qu'elles appartiennent à la catégorie LV ou IV, ont bénéficié, dans un passé plus ou moins récent d'un effort de diffusion par les services de vulgarisation. Nous sommes donc loin, en Guinée, des situations asiatiques où la révolution verte a conduit à l'adoption par une très grande proportion de paysans d'un très petit nombre de variétés IV, entraînant la disparition de LV. L'avènement de la révolution verte en Asie doit beaucoup, aux faits que -1- l'écosystème rizicole irrigué est assez homogène et -2- la diffusion des IV a été précédée ou accompagnée par l'amélioration de l'accès à tous les autres facteurs de production, irrigation, intrants, crédit, .... En Guinée, la diversité des écosystèmes rizicoles et un contexte économique peu favorable à l'amélioration de tous les facteurs de production constituent un frein à

l'avènement du modèle révolution verte asiatique. Ces handicaps sont une chance pour la préservation de la diversité et une opportunité pour le développement d'une riziculture plus durable.



## References

- Barry MB, Ahmadi N, Barbier JM, Souaré DB, and Pham JL (2006b) Farmer's management of rice varieties and rice seeds in maritime Guinea. Consequences for the conservation of genetic resources (*Submitted*).
- Bezançon G (1995) Riziculture traditionnelle en Afrique de l'Ouest : valorisation et conservation des ressources génétiques. In: Journal d'Agriculture Traditionnelle et de botanique appliquée. *Revue d'Ethnobiologie. Edition JATBA*, p. 3-23.
- Bellon MR, Pham, J L and Jackson MT (1997). Genetic conservation: a role for rice farmers. In N. Maxted, B. V. Ford-Lloyd, & J. G. Hawkes (Eds.), Plant conservation: the in situ approach (pp. 263–289). London: Chapman and Hall. International Plant Genetic Resources Institute.
- Boun TL, Souaré D, Bah ES and Bayo L (2001) Analyse diagnostic des systèmes de production de riz en Guinée. Research report. 184 p. IRAG, Guinée.
- Brush SB and Meng E (1998) Farmers' valuation and conservation of crop genetic resources. *Genetic Resources and Crop Evolution* 45: 139-150.
- Cox TS & Wood D (1999). The nature and role of crop biodiversity. In: Wood et Lenné (eds) Agrobiodiversity: Characterization, Utilization and Management. CAB International, pp.35-57.
- Dalton TJ and Guei RG (2003) Productivity gains from rice genetic enhancements in West Africa: Countries and ecologies. *World Development* 31 (2): 359-374.
- Dennis JV (1987) Farmer management of rice variety diversity in northern Thailand. Cornell University.
- Diagne A. 2005 "In-situ conservation of biodiversity and the stability- diversity relationship: A methodological framework" Mimeo, pp 10. WARDA, Cotonou. Bénin.
- Ghesquère A and Second G (1983) Polymorphisme enzymatique et évolution d'*Oryza sativa* en Afrique. In *Colloque Electrophorèse et taxonomie*. Société Zoologique de France, pp 83-90.
- Godon P (1991) Histoire du riz en Guinée : les variétés. Cirad Presse, pp. 10, Cirad, Montpellier, France
- Jones MP Dinkuhn M Aluko (GK) and Semon M (1997) Interspecific *Oryza sativa* L X *O. glaberrima* Steud. Progenies in upland rice improvement. *Euphytica* 92: 237-246.
- Kshirsagar KG, Pandey S and Bellon MR (2002) Farmer Perceptions, Varietal Characteristics and Technology Adoption – A Rainfed Rice Village in Orissa. *Economic and Political Weekly*, October, pp: 1239-1246.
- Lambert DH (1985) Swamp rice farming: the indigenous pahabg Malay agricultural system. Westview Press: Boulder & London.
- Lando RP and Mak S (1994) Combidian farmers decisionmaking in the choice of traditional rainfed lowland rice varieties. In 'IRRI Research paper'. pp. 15. IRRI: Los Banos, Philippines.
- Maguran AE (1988) Ecological Diversity and mesurment. Priceton University Press, Princeton, NJ, USA.
- ORIZA-Guinée (2005) Actualisation de la Lettre de Politique de Développement Agricole LPDA. *Observatoire riz et autres produits vivriers en Guinée*. 11 : 3-7
- Patil GP and Taillie C (1982) Diversity as a concept and its measurement. *Journal of the American Statistical Association*, Vol. 77, N° 379, 548-561.
- Pham JL, Morin SR, Sebastian LS, Abrigo GA, Calibo MA, Quillooy SM, Hipolito L and Jackson MT (2002) Rice, farmers and Genbanks: a case study in the Cagayan vally, Philippines. In 'Managing plant genetic resources'. (Eds JMM Engels, AHD Brown and MT Jackson) pp. 149-159. CAB International: London.

Porters R (1950) Vieilles agricultures de l'Afrique tropicale: centre d'origine, de diversification variétale primaire et berceau de l'agriculture antérieure au XVI<sup>ème</sup> siècle. *Agronomie tropicale* 44 : 165-178.

Simpson EH (1947) Measurement of diversity. *Nature* 163: 688.

Simpson RD (2002) Definitions of Biodiversity and measures of its value. Resources For the Future : <http://www.rff.org/documents/RFF-DP-02-62.pdf>

Vaughan DA, Chang TT (1992) *In situ* conservation of rice genetic resources. *Economic Botany* 46, 368–383

### **CHAPITRE III :**

## **PRATIQUES PAYSANNES DE GESTION DES SEMENCES ET DYNAMIQUE LOCALE DES VARIETES DE RIZ CULTIVEES EN GUINEE MARITIME**

# CHAPITRE III : PRATIQUES PAYSANNES DE GESTION DES SEMENCES ET DYNAMIQUE LOCALE DES VARIETES DE RIZ CULTIVEES EN GUINEE MARITIME

## Introduction

Au moment où est posée en Norvège la première pierre d'une arche de Noé des semences de plantes cultivées du monde entier (Morin, 2006), le contraste est saisissant entre la perspective figée et glacée de cette super-banque de gènes, et la complexité des processus qui ont façonné les ressources génétiques depuis la domestication des plantes cultivées.

L'intérêt pour ces processus a été renouvelé par l'accent mis par les grandes conventions internationales de la fin du XXème siècle (Convention sur la Diversité Biologique, Plan Global d'Action de la FAO pour les ressources génétiques) sur le rôle des agriculteurs dans la genèse et le maintien de la diversité des plantes cultivées.

Dans les centres d'origine ou de diversité des plantes cultivées, prévalent en effet encore souvent des agrosystèmes où n'a pas cours la séparation des fonctions de sélection, production et utilisation des semences telle qu'elle est pratiquée dans les pays industrialisés (Pham et Van Hintum, 2000). Les agriculteurs y sont les acteurs majeurs de la préservation, par l'utilisation, des ressources phylogénétiques.

Décrire et comprendre l'action des agriculteurs sur la diversité dans ces agrosystèmes souvent qualifiés de « traditionnels » (au sens où des traditions y sont maintenues, pas à celui où l'innovation en serait exclue) est essentiel, qu'il s'agisse de comprendre comment leurs pratiques peuvent être intégrées dans des stratégies de conservation *in situ* à la ferme des ressources génétiques (Bellon et al. 1997), ou qu'il s'agisse de percevoir les déterminants du succès des variétés issues de l'amélioration variétale par le système formel public ou privé. Ces recherches doivent s'appuyer sur un état des lieux de la diversité variétale.

La Guinée Maritime est une région de la Guinée connue pour sa richesse variétale. La question est posée du maintien de cette diversité, dans ce pays qui ne dispose pas de l'infrastructure nécessaire à la conservation *ex situ* des ressources génétiques. L'étude présentée dans cet article a pour but d'établir quelques repères en vue d'une approche *in situ* à la ferme de la préservation des ressources génétiques du riz en Guinée maritime, en faisant un état des lieux de la diversité variétale cultivée, et en apportant des éléments sur sa dynamique à l'échelle des villages et des exploitations.

Les objectifs de cette étude sont :

- Inventorier les variétés cultivées en Guinée maritime et en dresser la distribution
- Evaluer les changements intervenus à ces niveaux entre 1980 et 2003.
- Caractériser les pratiques relatives à la gestion des variétés et semences par les agriculteurs.

# 1- Sites d'étude et méthodologie

## 1.1 La Guinée maritime

Cette étude a été conduite en Guinée maritime, l'une des 4 grandes régions naturelles de la Guinée. Cette région est située sur la frange côtière de la Guinée entre 9° et 11°30 de latitude nord et 13°50 et 15°10 de longitude ouest et s'étend sur une longueur d'environ 350 Km (Carte 1).

Le climat, de type subtropical maritime, chaud et humide, est caractérisé par deux saisons très contrastées, une saison sèche de novembre à avril et une saison pluvieuse de mai à octobre. La pluviométrie moyenne annuelle varie entre 2000 mm et 4000 mm selon les gradients est - ouest et sud - nord, avec des températures moyennes annuelles qui varient entre 25 et 27°C. L'humidité relative moyenne annuelle oscille entre 70 à 78 %.

Le relief de la Guinée maritime est caractérisé par une opposition de deux ensembles : les basses plaines fluviomarines dont l'altitude est inférieure à 50 m et le plateau côtier, plus ou moins accidenté, avec une altitude qui varie entre 50 et 600 m. On distingue quatre grands groupes de sols : les sols de mangrove situés le long de la bande côtière s'étendent sur 250000 ha, les sols hydro morphes, localisés dans les bas-fonds, les plaines et les vallées, les sols ferrallitiques sur les coteaux et sur les versants des montagnes et les sols squelettiques dans les « Bowés ».

La Guinée maritime est peuplée par une dizaine de groupes ethniques (autochtones et migrants) largement dominé par les Soussous et les Bagas. La région compte environs 2 500 000 d'habitants dont 800 000 en milieu rural. La densité de la population en milieu rurale varie entre 6 et 150 habitants au km<sup>2</sup>. Elle compte près de 100 000 exploitations agricoles avec une superficie moyenne par exploitation de 2 ha pour une moyenne de 5 actifs (Boun et al. 2001). Le riz est l'aliment de base de la population de cette région où la consommation moyenne par an et par habitant avoisine les 100 kg de riz net.

La Guinée maritime est une région à grandes potentialités socio économiques. Elle abrite la Capitale Conakry et 2 unités industrielles de grande importance, la compagnie de Bauxite de Guinée à Kamsar et l'Usine d'alumine de Fria qui constituent des pôles d'attraction de la main d'œuvre locale et des débouchées pour les produits agricoles. L'agriculture est le principal secteur d'activité des populations rurales de la région, grâce à la diversité écologique de son milieu qui autorise la diversification des productions (riz, arachide, fonio, manioc, divers fruits et légumes tropicaux, etc.). Les populations de la région pratiquent aussi l'élevage, la pêche artisanale, l'extraction de sel et du palmier à huile. La riziculture est de loin la principale activité agricole de la région.

Enfin, les systèmes rizicoles sont encore des systèmes extensifs, dans lesquels, l'utilisation d'intrants agricoles (semences certifiées<sup>2</sup>, engrais, herbicides), l'irrigation et la mécanisation sont très marginales. Les pluies constituent la seule source d'alimentation en eau de la culture de riz. Les travaux cultureux sont manuels à l'exception de rares cas de mécanisation de

---

<sup>2</sup> Il n'existe pas encore en Guinée une réglementation nationale pour les semences.

travaux de préparation du sol au tracteur. Les récoltes sont destinées essentiellement à l'autoconsommation. Cependant, les volumes commercialisés augmentent de plus en plus grâce à l'amélioration du réseau routier, des prix incitatifs du riz local et à l'augmentation très significative des décortiqueuses mécaniques qui facilitent le travail des femmes pour l'usinage du riz (PASAL, 1998).

## **1.2 Echelles d'études et choix des sites d'enquêtes**

L'inventaire et l'analyse des pratiques de gestion des variétés de riz ont été réalisés simultanément à deux échelles : 1- à l'échelle de la petite région agricole et 2- à l'échelle de village. Les investigations à ces deux échelles spatiales sont complémentaires et permettent d'une part de couvrir une large diversité écologique et socio culturelles et, d'autre part, d'avoir des connaissances plus approfondies sur les sujets traités. Le village a été retenu comme unité de base d'investigation aux deux échelles.

### **1.2.1 Choix des villages étudiés à l'échelle région**

La Guinée maritime compte plus de 800 000 habitants en milieu rural regroupés dans 96 000 exploitations agricoles. Le nombre de village peut atteindre 300 voire plus. Dans tous les villages, la culture de riz demeure la principale activité agricole. Le nombre de villages à étudier a été fixé à 15 en fonction du temps et des moyens disponibles.

La diversité agro écologique a été le critère de base du choix des villages. Celle-ci se superpose avec la diversité des systèmes rizicoles. Elle pourrait être le principal facteur de structuration de la diversité variétale. L'IRAG a réalisé, en 2000, un zonage agro écologique de la région Guinée maritime qui a mis en évidence 9 zones agro écologiques homogènes. La sélection des sites d'étude s'est fortement inspirée des données de ce zonage. En plus de ce premier critère, deux autres ont été utilisés : 1- inclure des villages prospectés dans les années 1980 dans le but de comparer la diversité génétique actuelle à celles des années 1980 ; 2- inclure des villages où des variétés améliorées du groupe NERICA (New Rice for Africa<sup>3</sup>) ont été introduites entre 1997 et 1998 pour analyser l'effet de l'introduction de variétés améliorées sur la diversité variétale locale.

Le choix des 15 villages a été fait en 4 étapes avec la participation des responsables et sages locaux : 1- choix de 4 zones agro écologiques homogènes parmi les 9 identifiés par l'IRAG (2000) – 2- choix de 13 sous-préfectures dans ces 4 zones agro écologiques- 3- choix de 1 à 2 districts par sous-préfecture et – 4- choix d'un village par district. Le choix a été raisonné pour les 3 premières étapes, de manière à couvrir la diversité agro écologique des grandes zones rizicoles et les principaux types de riziculture de la région. Pour la dernière étape, deux méthodes de choix ont été simultanément utilisées : 1- choix raisonné pour 6 villages dont 2 prospectés en 1979 et en 1982 et 4 où les NERICA ont été introduites entre 1997 et 1998 et 2- choix aléatoire pour les 9 autres villages.

---

<sup>3</sup> Variétés issues d'un croisement interspécifique de *O.sativa* x *O.glaberrima* réalisé par l'ADRAO (Association pour le développement de la riziculture en Afrique de l'Ouest).

## **1.2.2 Typologie des 15 villages étudiés à l'échelle de la région**

Les écosystèmes, et les types de riziculture qui y sont associés, permettent de distinguer 3 types de villages : les villages de la zone de mangrove, les villages de la zone de transition entre la mangrove et la zone continentale et les villages de la zone continentale.

Le premier type, constitué de 7 villages, se situe le long de la côte à une altitude comprise entre 0 et 50 m. Il se caractérise par un système de monoculture de riz inondé (riz de mangrove et riz de plaines d'eau douce), une pression sur les terres relativement faible, présence de nombreux projets agricoles et ONG dont les importants sont le PDRI-GM, le PGM (1, 2 et 3) et le SNPRV. Les principales activités non agricoles sont la pêche, l'extraction de sel, la cueillette de l'huile de palme et le petit élevage.

Le deuxième type, constitué de 3 villages, se situe entre la zone littorale et la zone continentale à une altitude comprise entre 50 et 100 m. Il se caractérise par la présence à la fois du riz pluvial et du riz inondé, la bonne accessibilité des villages qui se situent le long de l'axe routier Conakry-Boké bitumé depuis 1990 et la dégradation très forte des terres de coteau. Les agriculteurs ont tendance à abandonner la riziculture pluviale à cause de la baisse de fertilité des sols consécutive à la diminution de la durée de jachère pour s'orienter davantage aux cultures d'arachide sur le coteau et de riz dans les bas-fonds et les mangroves bien que les surfaces cultivables de bas-fonds sont limitées et les terres de mangrove sont, en général, très éloignées des villages.

Le troisième type rassemble 5 villages localisés dans la partie continentale à une altitude comprise entre 100 et 600 m. Il se caractérise, principalement, par un système de culture de défriche brûlis à base de riz et d'arachide, une pression sur les terres de plus en plus forte, un encadrement agricole limité par la présence d'agents de la vulgarisation et un accès relativement difficile. Les activités non agricoles peuvent être l'élevage de gros et de petit bétail. Le système de culture pluvial met en rotation les cultures de riz, d'arachide et de fonio.

## **1.2.3 Choix des villages contrastés et des exploitations suivies**

A l'échelle de village, deux villages contrastés ont été choisis parmi les 15 villages étudiés à l'échelle de la région sur la base de deux critères : 1 – couvrir les deux grands écosystèmes, le pluvial et l'inondé et 2- avoir une diversité variétale qui est supposée être peu perturbée par les actions des projets de développement. Les villages choisis sont les suivants : Kifinda en écosystème inondé et Kantchrott en pluvial.

Les exploitations à enquêter ont été choisies au hasard à partir de la liste des ménages dans chacun des deux villages : 11 à Kifinda et 13 à Kantchrott. Le chef d'exploitation a été l'interlocuteur privilégié. Les résultats seront présentés par village.

Tableau III-1. Caractéristiques des deux villages contrastés de Kifinda et Kantchrott

	Kifinda (écosystème inondé)	Kantchrott (écosystème pluvial)
Localisation	Sous-préfecture de Tougnifily, prefecture Boffa	Sous-préfecture de Dabis, prefecture Boké
Ethnie	Bagas et Soussous	Landouma
Nombre d'habitants	1600	350
Nombre exploitations	193	40
Nombre moyen d'actifs/exploitation	5	5
Surface en riz /expl. *	2.2 ha	1.0 ha
Nbre moyen variétés/expl. *	5	2
Système de culture	Riziculture inondée de plaines de mangrove et d'eau douce aménagées par les paysans avec repiquage	Riziculture de défriche brûlis avec semis direct en rotation avec arachide et fonio
Activités non agricoles	Pêche, extraction sel et huile de palme et petit élevage	Petit élevage
Pression foncière	Faible	Forte (jachère de courte durée, entre 5 et 6 ans)
Intervention services publics	Peu d'intervention (IRAG, SNPRV et PEDRI-GM)	Pas d'intervention
Niveau enclavement	Désenclavé	Très enclavé

\*Exploitation



## **1.2.4 Présentations des deux villages contrastés**

Le Tableau III-1 présente les caractéristiques de chacun des deux villages étudiés en détail.

Kifinda est un village de Bagas très peuplé. Il compte 1600 habitants structurés en 190 ménages. Il est constitué d'un ensemble de hameaux installés sur des îlots de dune de sable le long de la plaine marécageuse. La riziculture est la principale activité du village. Quelques exploitations pratiquent l'extraction du sel marin en saison sèche, toutes les femmes pêchent le poisson dans les rizières immédiatement après les récoltes de riz.

Le terroir agricole est constitué essentiellement de basses terres de mangrove dont une partie n'est plus influencée directement par la mer. Les paysans distinguent 3 types de milieux : les plaines d'eau douce ou « Farè », les plaines de mangrove ouverte (la notion de mangrove « ouverte » ou « bora » est basée sur l'absence de casiers et de tout autre aménagement) et les plaines de mangrove fermée par des diguettes ou « bougounis » pour protéger les rizières de la salinité. Les plaines d'eau douce et les plaines de mangrove fermée par des diguettes sont aménagées traditionnellement par les paysans.

Le village de Kantchrott est situé dans la Sous-préfecture de Dabis, préfecture Boké, est habité par les Landouma. Il compte 350 habitants structurés en 40 exploitations qui pratiquent un système de culture de défriche brûlis à base de riz et d'arachide. Très enclavé, ce village n'a jamais été appuyé par des projets de développement ou ONG.

Le terroir agricole du village de Kantchrott est constitué de terres hautes situées sur des collines ou plateaux arborés. Les terres sont sous le contrôle des chefs de lignage qui autorisent chaque année, à la demande des agriculteurs du village, la mise en valeur d'un espace défini. La durée de la jachère est le principal critère de choix de la zone de culture, elle doit être égale ou supérieure à 6 ans. Après le choix de la zone, les exploitants du village s'organisent pour délimiter les parcelles en fonction des besoins de chaque exploitation. Après la délimitation, chaque exploitant défriche l'espace qui lui est réservée pour le riz et l'arachide.

## **1.3 Inventaire et enquêtes sur les pratiques de gestion des variétés et des semences**

### **1.3.1 Données socio démographiques**

Parmi les 24 exploitations suivies dans les deux villages contrastés, 22 ont été individuellement caractérisées en 2001 par : l'âge du chef d'exploitation, l'âge de l'exploitation, l'effectif du ménage, le nombre d'actifs, les ressources en terres (disponibilité suffisante ou non, surface mise en valeur pour le riz), l'outillage agricole, la conduite de la culture de riz et les activités agricoles et non agricoles. L'actif est toute personne permanente au sein de l'exploitation qui travail dans les champs. Les enfants dont l'âge est compris entre 12 et 16 ans ont été considérés comme demi actif. Cette caractérisation avait pour but de mettre en correspondances les caractéristiques des exploitations et les données sur la diversité variétale et les pratiques de gestion.

### 1.3.2 Inventaire, utilisation et acquisition des variétés

A l'échelle de la région, dans chacun des 15 villages, trois inventaires ont été faits en 2001 : 1- inventaire des variétés cultivées en 2000 (année précédente l'année d'enquête), 2- inventaire des cultivées en 1984 (date de changement de régime en Guinée suite au décès de son premier président) et 3- inventaire des variétés abandonnées entre 1984 et 2001. Au cours d'une réunion de village regroupant entre 10 et 30 paysans, il leur a été demandé de donner les noms des différentes variétés de riz qui sont cultivées actuellement pour la première liste et celles qui étaient cultivées à la mort du premier président de la Guinée pour la seconde. Pour chacune d'elles, les renseignements ci-après ont été enregistrés : nom, signification du nom, autres nom de la variété, espèce (*O. sativa* ou *O. glaberrima*), type de plant (traditionnel ou amélioré), cycle végétatif en mois, origine géographique, date ou période d'introduction, date ou période d'abandon (deuxième liste), introducteur, critères de reconnaissance et d'évaluation (qualité et défauts).

L'inventaire des variétés cultivées dans les deux villages contrastés faite en 2001 lors de l'enquête régionale a été repris en 2003 dans le but de dresser une liste des variétés cultivées au cours des 30 dernières années la plus exhaustive que possible, une liste, à travers laquelle les connaissances sur la diversité variétale vont être approfondies. Pour cela, nous avons adopté une démarche plus longue mais plus précise que celle utilisée à l'échelle de la région.

La première étape a consisté à établir une liste de référence exhaustive des variétés qui pourraient être, potentiellement, cultivées dans chacun des deux villages. Pour cela, nous avons effectué un inventaire, par enquêtes collectives, des variétés cultivées au cours des 30 dernières années dans 5 villages voisins à chacun des deux villages d'étude. Les 5 listes et la liste établie dans le village d'étude concerné lors de l'enquête régionale ont été utilisées pour dresser la liste de référence. Cette liste est soumise à une assemblée générale d'agriculteurs qui ont indiqué les variétés qui ont été effectivement cultivées dans leur village durant la période considérée. A l'issue de cette réunion, une liste définitive des variétés qui ont été cultivées au cours des 30 dernières années dans leur village fût établie.

Pour chacune des variétés ainsi recensées, les informations ci-après ont été enregistrées : nom de la variété, signification du nom, autre nom, date d'introduction et date d'abandon pour celles qui sont abandonnées, provenance et introducteur.

Un inventaire de toutes les variétés qui ont été cultivées dans chacune des 24 exploitations suivies a été réalisé, qu'elles soient cultivées ou bien abandonnées. La période considérée s'étend de la date d'installation du paysan à la date d'enquête. La liste des variétés qui ont existé dans leur village a servi de référence. Pour chacune des variétés recensées, les informations ci-après ont été enregistrées : nom de la variété, variété cultivée actuellement ou abandonnée, année d'introduction, année d'abandon pour les variétés abandonnées, lieu d'obtention (dans le village, village voisin, village lointain, village très lointain et service public), mode obtention (échange, don, achat et héritage), relation entre le paysan et le fournisseur de la variété, quantité de semence utilisée au moment de l'introduction, adoption ou non après son test au champ et à domicile, raisons d'adoption et causes d'abandon ou de perte.

### **1.3.3 Système d'approvisionnement en semences**

Le système d'approvisionnement peut avoir une influence sur la dynamique variétale. Il est par conséquent important de s'y intéresser dans les études de diversité génétique. Cette étude a été conduite aussi bien à l'échelle région qu'à l'échelle village. Dans les deux cas nous sommes intéressés :

- Au mode d'approvisionnement en semences en distinguant les semences prélevées sur les récoltes au sein des exploitations dites « semences propres » de celles obtenues hors de l'exploitation dites « semences étrangères »
- A la pratique de sélection des semences afin d'estimer le degré de sélection des semences en distinguant les agriculteurs qui pratiquent ou non la sélection des semences. Pour cela, il a été demandé aux paysans de donner les différents modes de prélèvement des semences par enquête collective à l'échelle de la région et par enquête individuelle auprès des exploitations suivies dans les deux villages contrastés.
- Aux modalités d'obtention des « semences étrangères » pour répondre aux questions : où, comment, quand et auprès de qui ces semences sont obtenues. Ainsi, pour chacun des lots de semences concernés, il a été enregistré : sa provenance (dans le village ou hors du village), son mode d'obtention (échange, don ou achat), sa période d'obtention (à la récolte, après la récolte - avant semis et pendant le semis) et les relations entre acquéreur et fournisseur.

### **1.3.4 Reconstitution des variétés d'une génération à une autre**

Durant le suivi réalisé en 2001 dans les deux villages contrastés, les informations suivantes ont été enregistrées pour chaque lot de semences : le nom de la variété, la parcelle où il a été semé, le nom de son propriétaire (un des membres du ménage) et le statut de la parcelle (collectif ou individuel), sa provenance, son mode d'obtention, son poids, la surface qu'il occupe, les principales opérations culturales et leur date de réalisation (semis, désherbage et récolte). Les quantités de semences ont été donnée en volume dans les unités de mesure locale utilisées dans la région : l'estagnon (bidon de 20 litres) qui mesure 12,5 kg de paddy et le Kilo ou Pot ou Conté (boîte d'un litre) qui mesure 0,650 kg. Les surfaces des parcelles ont été mesurées à l'aide d'un ruban de 50 m.

## **1.4 Méthodes d'enquête**

Trois méthodes d'enquêtes ont été utilisées en fonction des échelles d'étude et des sujets abordés :

- 1- L'enquête collective. Elle a consisté en une interview d'un groupe d'agriculteurs volontaires dont le nombre varie entre une dizaine et une trentaine par session. Les questions, de type ouvert, sont posées aux agriculteurs ; à la suite du débat collectif, les réponses consensuelles sont enregistrées. Cette approche a été utilisée pour toutes les investigations à l'échelle de la région dans les 15 villages et pour faire l'inventaire des variétés qui ont été cultivées dans les deux villages contrastés et dans les villages voisins à ces deux villages.
- 2- L'enquête individuelle. Des questions ouvertes sont administrées à un paysan représentant une exploitation familiale qui est généralement le chef de ménage. Celui-ci peut répondre seul à toutes questions mais, peut faire aussi appel à un des membres de sa famille (épouses ou enfants) pour répondre à des questions ou apporter des précisions sur certains aspects des ses réponses. Cette approche a été principalement utilisée pour les investigations dans les deux villages contrastées auprès des 22 exploitations.

Tableau III-2 : Nombre de noms de variétés recensés en Guinée maritime dans 7 villages de riz inondé et dans 8 villages de riz pluvial (ont été groupés dans cette catégorie les villages de riz pluvial avec accès à la riziculture inondée)

Ecosystème	Type variétés				
	Tout type	<i>O. glaberrima</i>	<i>Nerica</i>	<i>O. sativa</i> traditionnel	<i>O. sativa</i> amélioré
Inondé (n= 7)	71	1	0	62	8
Pluvial (n= 8)	69	16	2	46	5
Total	140	17	2	108	13

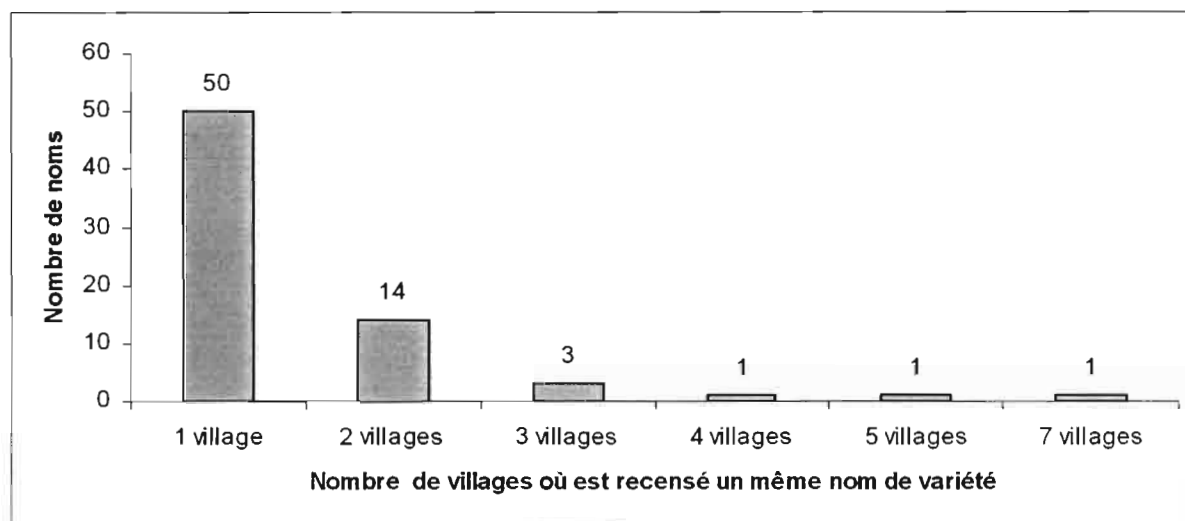


Figure III-1. Etendue de la distribution des noms des variétés enregistrées en 2001 dans 7 villages de riz inondé.

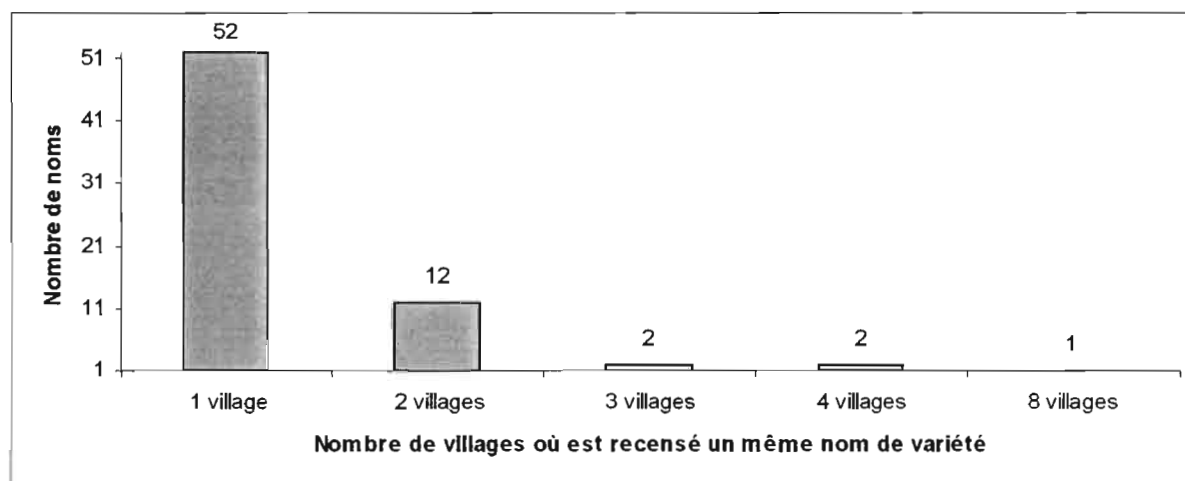


Figure III-2: Etendue de la distribution des noms des variétés enregistrés en 2001 dans 8 villages de riz pluvial.

Tableau III-3. Nom, type et distribution des 5 variétés les plus répandues dans les deux types de riziculture pratiquées en Guinée maritime

Type de Riziculture	Variétés	Type variétés ou espèce	Nombre de villages de présence
Inondée (n = 7)	Rok5	<i>O. sativa</i> Améliorée	7
	Ancre	<i>O. sativa</i> traditionnelle	5
	Kabalack	<i>O. sativa</i> Améliorée	4
	RD15	<i>O. sativa</i> Améliorée	3
	BABA	<i>O. sativa</i> Améliorée	3
	Mamousso	<i>O. sativa</i> traditionnelle	3
Pluviale (n= 8)	Djou Kèmè	<i>O. sativa</i> traditionnelle	8
	Guilambö	<i>O. sativa</i> traditionnelle	4
	Sali Forè	<i>O. glaberrima</i>	4
	Mörömi	<i>O. sativa</i> traditionnelle	3
	<i>Sali Gbeli</i>	<i>O. glaberrima</i>	3

- 3- Le suivi des exploitations. C'est un travail qui a couvert toute la période de culture, depuis le semis jusqu'à la récolte, de juin à décembre 2001. Il s'agissait de caractériser, avec la participation des paysans concernés, les différents lots de semences utilisés dans chacune des 22 exploitations étudiées dans les deux villages contrastés et de les suivre au champ pour enregistrer les principales opérations cultures.

## **2- Résultats**

### **2.1 Distribution de la diversité variétale à l'échelle de la région**

#### **2.2.1 Les deux espèces cultivées**

Pour l'ensemble des 15 villages prospectés, 140 variétés ont été recensées (Tableau III-2) : 121 pour *O. sativa*, 17 pour *O. glaberrima*, et 2 variétés *NERICA*. Les deux écosystèmes ont une diversité variétale voisine. Ainsi, 71 variétés sont recensées en écosystème en inondé, et 69 en pluvial.

La structuration écologique joue un grand rôle dans la distribution variétale : aucune variété n'est commune aux 2 écosystèmes. Elle influe également sur la distribution spécifique : les variétés d'*O. glaberrima* sont cultivées presque uniquement dans l'écosystème pluvial. Sur les 23 variétés d'*O. glaberrima* recensées, deux seulement sont identifiées en écosystème inondé. On recense 51 variétés d'*O. sativa* en pluvial et 70 en inondé.

La structuration écologique n'influe pas sur la partition variétés améliorées vs. variétés locales, puisque les premières se répartissent à part égale dans les écosystèmes (8 en écosystème inondé et 7 en pluvial en y intégrant les variétés *NERICA*).

#### **2.2.2 Répartitions des noms de variétés**

Les Figures, III-1 et III-2, représentent l'étendue des noms de variétés, c'est-à-dire le nombre de villages où une variété est présente. La très grande majorité des noms des variétés sont présents dans un seul village (50 sur 71 noms en inondé, 52 sur 69 en pluvial). La diversité variétale, représentée par le nom, est donc très localisée, quelque soit l'écosystème.

Les variétés les plus répandues, c'est-à-dire présentes dans plus de 3 villages, en écosystème inondé sont en majorité améliorées (4 sur 6) (Tableau III-3). Parmi les six, la variété Rok5 améliorée d'*O. sativa* est la seule présente dans tous les villages. En écosystème pluvial, les variétés les plus répandues sont toutes traditionnelles dont 3 d'*O. sativa* et 2 d'*O. glaberrima*. Parmi les 5, la variété *O. sativa* Djou Kèmè est la seule qui soit présente dans tous les villages.

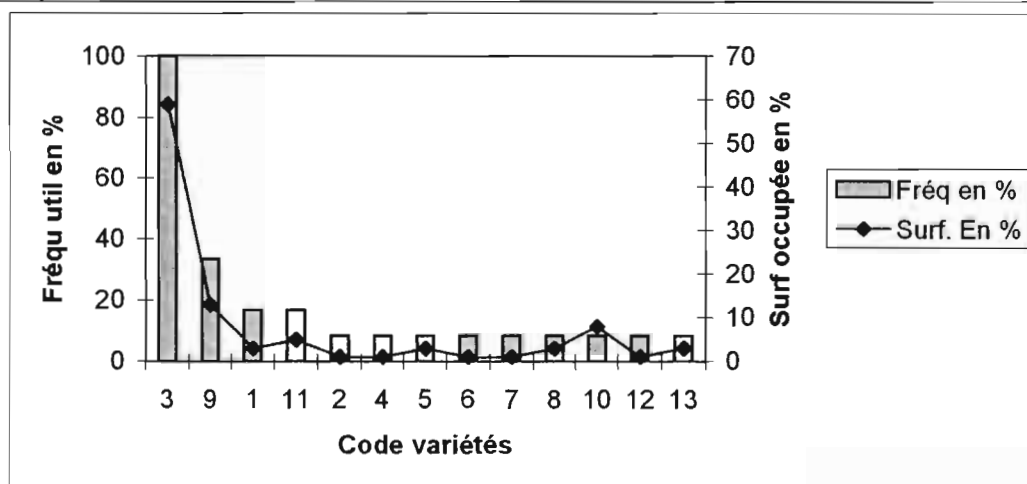
*O. glaberrima* est présente dans tous les villages de l'écosystème pluvial et seulement dans 2 sur 7 en écosystème inondé.

### **2.3 Variabilité de la diversité variétale entre villages**

Le nombre de variétés cultivées par village varie entre 7 et 20 avec une moyenne de 14. La variation est du même ordre dans les 2 écosystèmes. Parmi les 7 variables qui caractérisent les villages, seule la taille de la population semble expliquer la variation du nombre de variétés.

Tableau III-4. Nombre de variétés cultivées en 2001 dans les exploitations suivies dans les villages de Kantchrott (écosystème pluvial) et Kifinda (écosystème inondé).

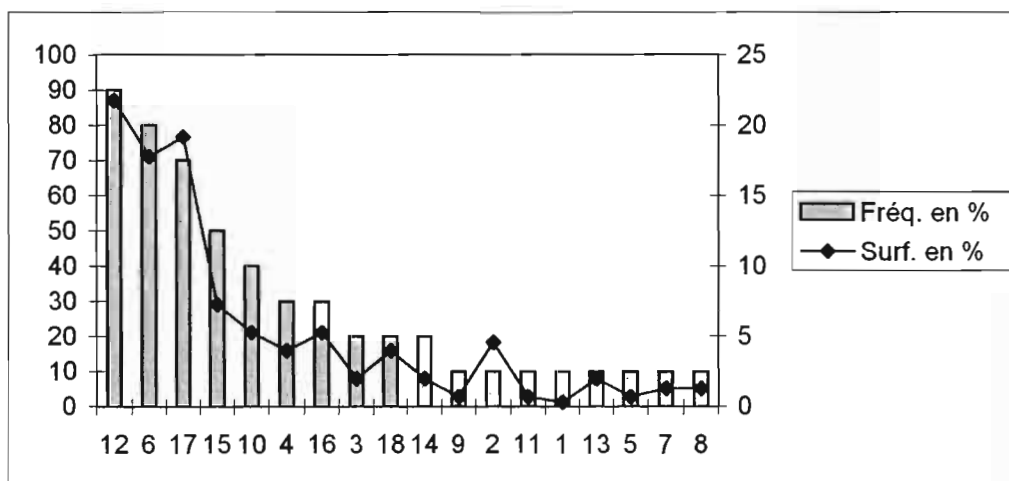
Paysan	Village de Kantchrott en pluvial			Village de Kifinda en inondée		Total
	Type variétal		Total	Type variétal		
	Glaberrima	Sativa traditionnelle			Sativa Amélioré	Sativa Traditionnel
1		2	2	1	4	5
2	1	2	3	1	5	6
3		3	3		3	3
4	1	2	3	1	6	7
5	2	2	4	1	3	4
6		2	2	3	6	9
7	1	1	2	1	8	9
8	1	1	2		4	4
9		2	2	1	3	4
10		1	1	1	4	5
11	1	3	4			
12		1	1			
Moyenne	1.2	1.8	2.4	1.3	4.6	5.6



Codes variétés :

1= Depa	2 = Dissi	3 =Djou Kèmè	4= Kimbéli	5 = Dissi kôndô	6 = Lissilissi	7= Mawouyon
8= Messe Messe	9 = Moromi	10 = Sagnakhi	11 = Samanden	12 = Toundéboï	13= Yimbaya	

Figure III-3 : Relation entre fréquence des exploitations cultivant une variété et sa surface cultivée dans le village de Kanchrott (pluvial)



Codes variétés :

1 = B38D2	2 = BA8A	3 = Balanta	4 = Barka Madina	5 = Dissi	6 = Djögöya
7 = Guinèkōbi	8 = Kaoulaka	9 = Katako	10 = Khòbè	11 = Khòbè Gbéli	12 = Kinsampena
13 = Kissosso	14 = Mandéka	15 = Rock 5	16 = Tamba Yéguéty	17 = Tanköró	18 = Yampony

**Figure III-4** : Relation entre fréquence des exploitations cultivant une variété et sa surface cultivée dans le village de Kifinda (irrigué)

La corrélation entre ces deux variables (taille de la population et le nombre de variétés) est positive et significative mais relativement faible ( $r = 0.56$ ).

## 2.4 Variabilité de la diversité variétale entre exploitations

Au sein d'un même village, le nombre de variétés cultivées par exploitation est variable (Tableau III-4).

A Kantchrott, le nombre de variétés cultivées en 2001 par exploitation varie de 1 à 4 avec une moyenne de 2.4. Chaque exploitation cultive au moins une variété de l'espèce *O. sativa*. La moitié des exploitations suivies cultivent en plus de la ou des variétés *O. sativa* une variété de l'espèce *O. glaberrima*. Un seul exploitant parmi les 12 suivis utilise plus d'une variété *O. glaberrima*.

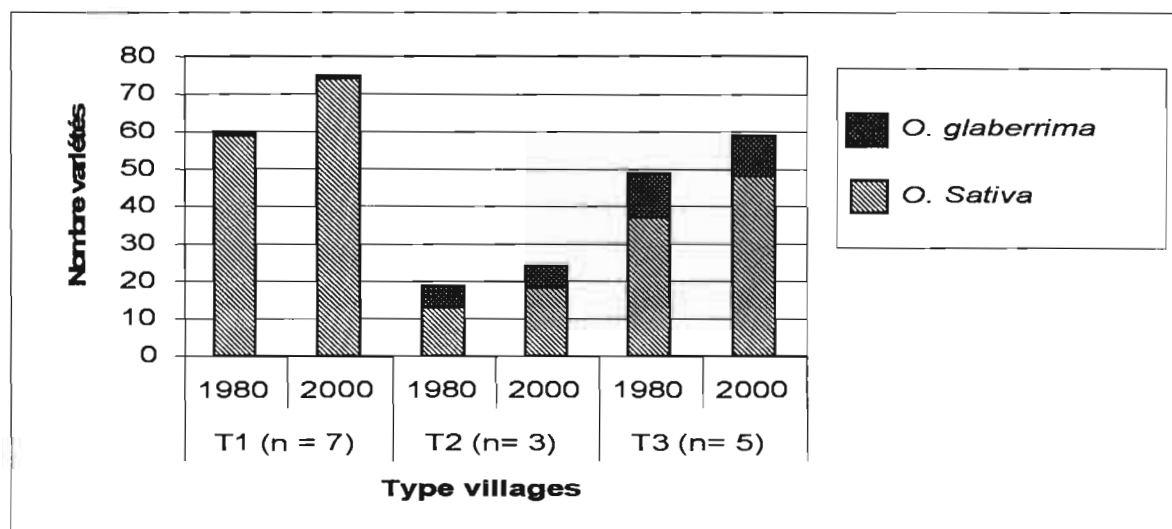
A Kifinda, le nombre de variétés cultivées en 2001 par exploitation varie entre 3 et 9 avec une moyenne de 5,6. Ces valeurs sont supérieures à celles obtenues par déclaration des exploitants sur les variétés cultivées en 2000 qui indiquaient que le nombre de variétés par exploitation variait entre 1 et 6 avec une moyenne de 4. Le suivi a permis de prendre en compte, en plus des variétés propres aux chefs d'exploitation, d'une part, les variétés cultivées dans les champs individuels appartenant aux épouses et aux enfants âgés et d'autre part, les variétés qui sont dans le processus d'expérimentation, cultivées sur de toutes petites parcelles. L'approche de suivi des exploitations a apporté plus de précision par rapport aux enquêtes déclaratives. Dans ce village, chaque exploitation cultive dans les champs collectifs et dans les champs individuels plusieurs variétés traditionnelles et une variété améliorées.



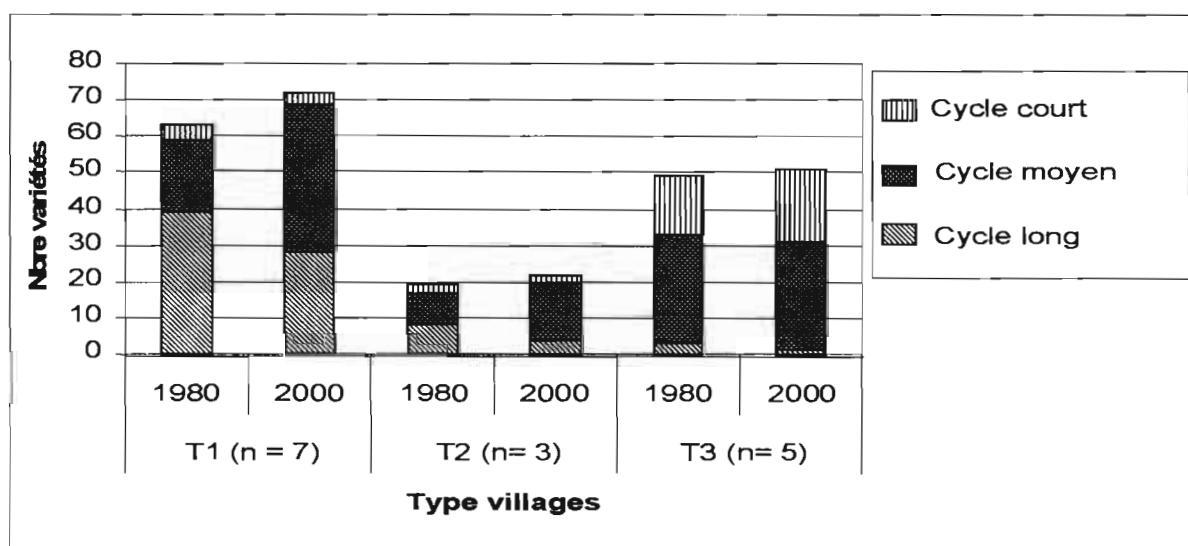
## **2.5 Distribution des variétés dans les villages**

A l'échelle du village, l'importance relative de chaque variété cultivée actuellement a été déterminée à partir du nombre total de paysans qui la cultivent et de la surface qu'elle occupe dans les différentes exploitations où elle est cultivée. On observe (Figures III-3 et III-4) une relation forte entre ces deux variables : les variétés les plus fréquentes sont aussi celles occupant les plus grandes surfaces. Ceci justifie la distinction entre variétés « majeures » et variétés « mineures ». Les variétés les plus cultivées (présentes dans plus de 50 % des exploitations enquêtées) seront dites variétés majeures et les moins cultivées (présente dans moins de 50 des exploitations enquêtées) seront dénommées variétés mineures.

On observe sur les Figures III-3 et III-4 des différences entre le village en écosystème pluvial et celui en écosystème inondé. Dans le village pluvial, la riziculture s'articule autour d'une seule variété d'*O. sativa*, la diversité variétale étant ensuite abondée par de nombreuses variétés mineures. Dans le village inondé, 3 variétés majeures sont observées, mais les fréquences des variétés mineures s'inscrivent dans une décroissance régulière.



**Figure III-5.** Evolution du nombre de variétés des deux espèces de riz cultivé entre 1980 et 2000 dans les 3 types de village de Guinée maritime. T1 : villages qui pratiquent le riz inondé ; T2 : villages qui pratiquent le riz pluvial avec accès à la riziculture inondé et T3 : village qui pratiquent essentiellement le riz pluvial



**Figure III-6 :** Evolution du nombre de variétés cultivées entre 1980 et 2000 en fonction de leur longueur de cycle dans les 3 types de villages de Guinée maritime  
T1 : villages qui pratiquent le riz inondé ; T2 : villages qui pratiquent le riz pluvial avec accès à la riziculture inondé et T3 : village qui pratiquent essentiellement le riz pluvial

**Tableau III-5.** Comparaison du nombre de variétés présentes en 1980 à celui de 2002 dans chacun des deux villages contrastés, l'un en écosystème inondé et l'autre en pluvial. Données collectées dans 22 exploitations.

Ecosystème	<i>O. glaberrima</i>	<i>O. sativa</i> traditionnel	<i>O. sativa</i> amélioré	Total
1980 Inondé	1	19	0	20
2002 Inondé	0	23	5	28
1980 Pluvial	5	10	0	15
2002 Pluvial	5	15	0	20



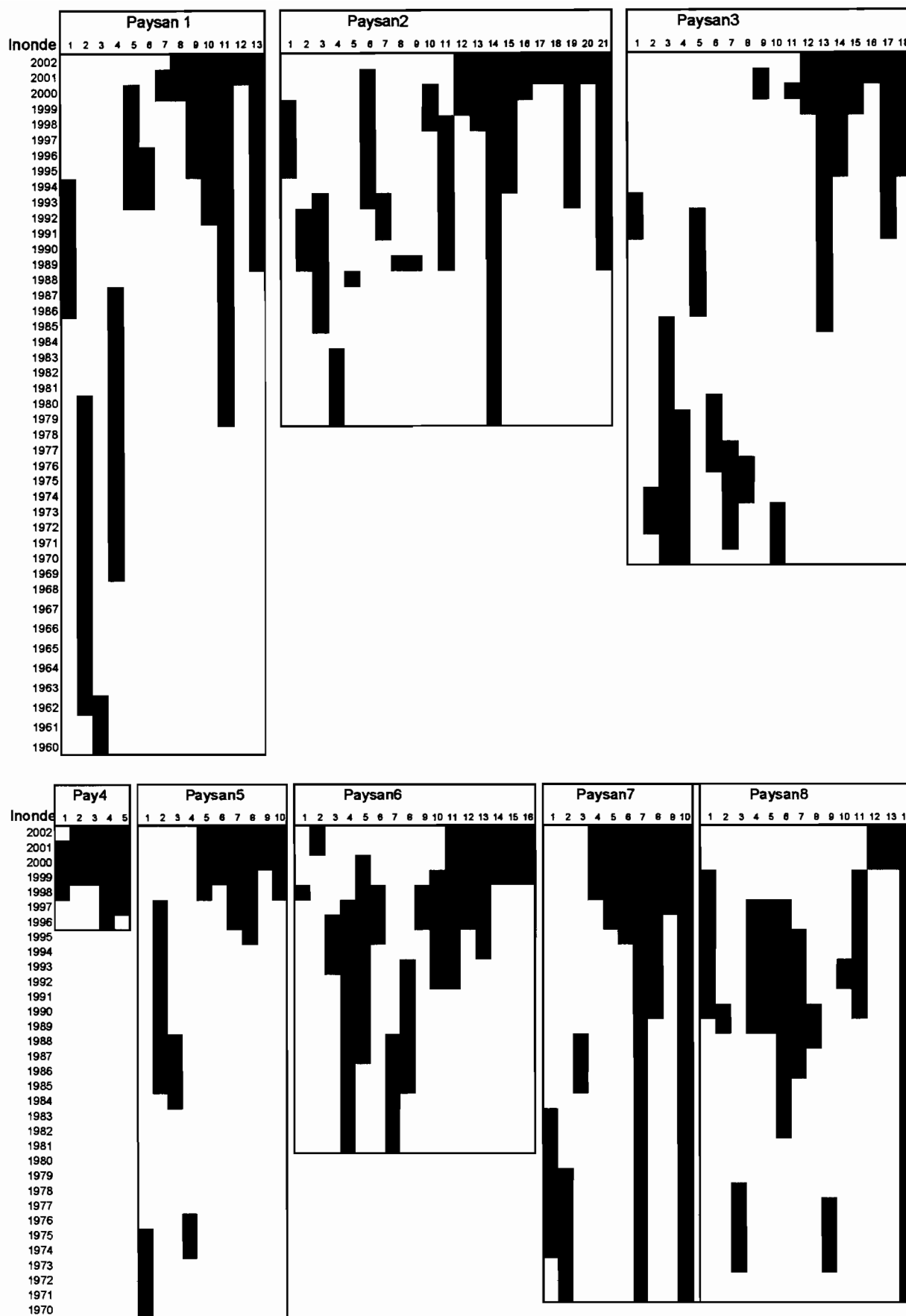
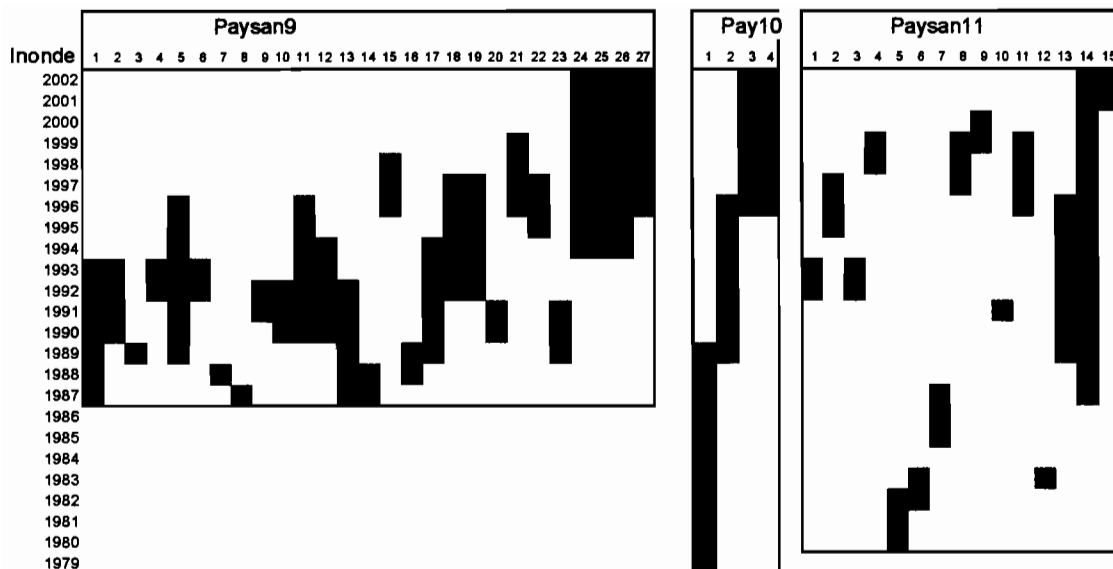
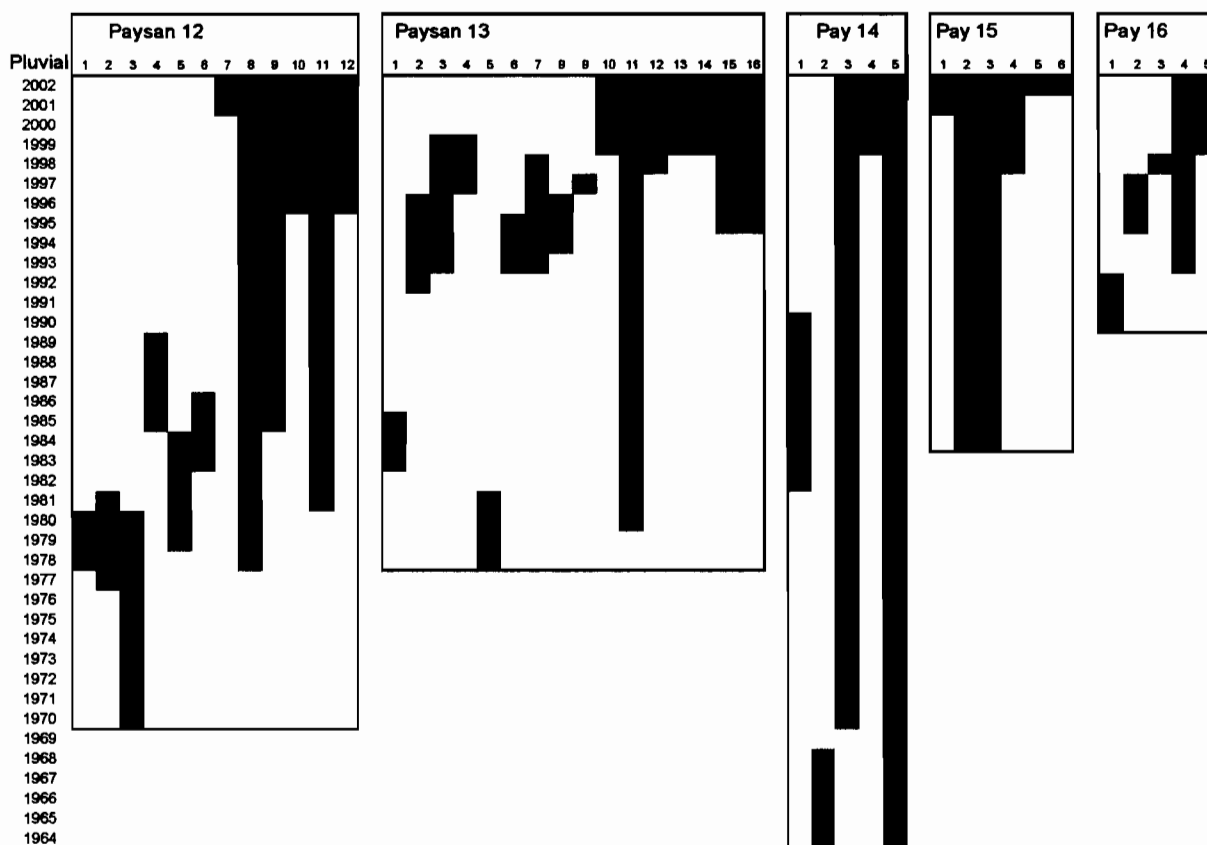


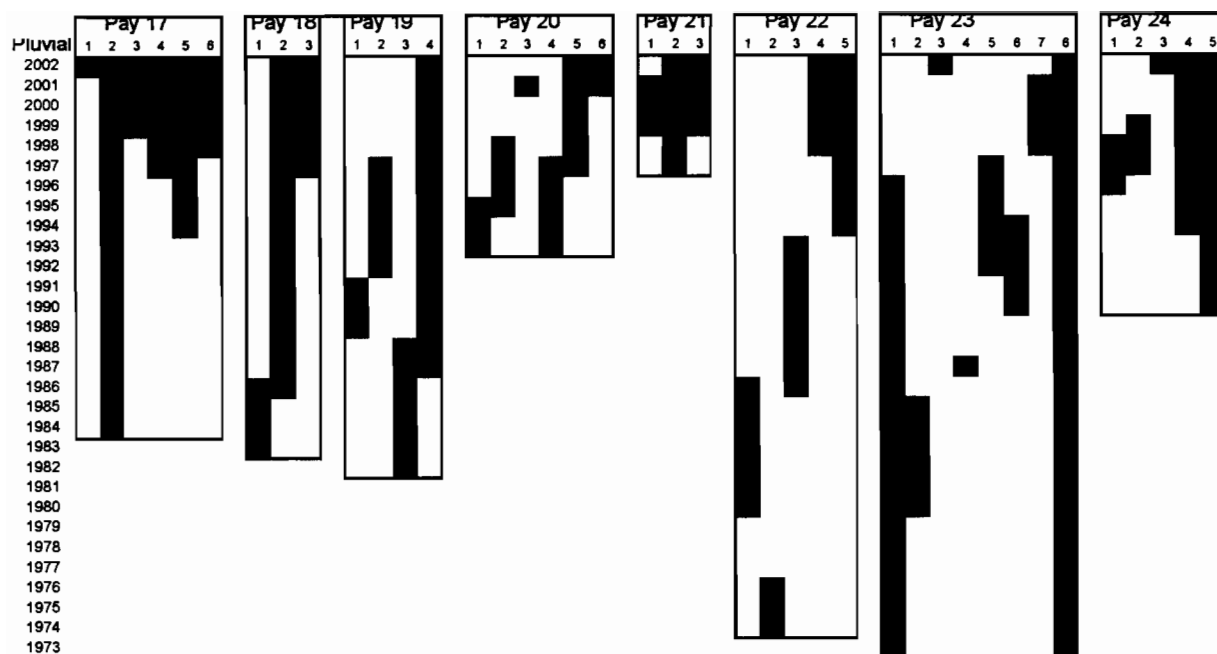
Figure III-9. Légende page suivante



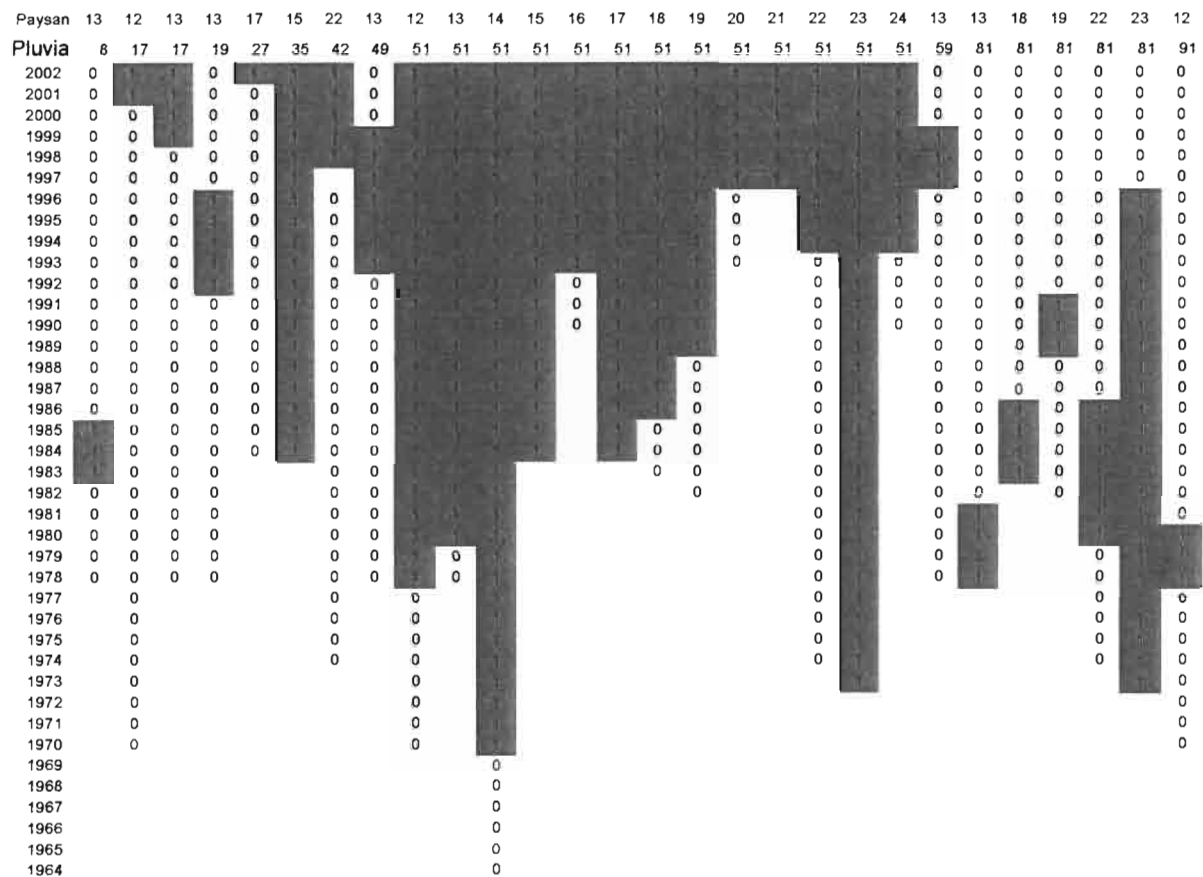
**Figure III-9 :** durée d'existence des variétés de chacun des paysans suivis à Kifinda (écosystème inondé). Les numéros 1, 2, 3.....correspondent chacun à une variété. Par exemple le paysan 1 a cultivé depuis son installation 13 variétés.



**Figure III-10.** Légende page suivante



**Figure III-10** : durée d'existence des variétés de chacun des paysans suivis à Kanchkrott (écosystème pluvial). Les numéros 1, 2, 3.....correspondent chacun à une variété. Par exemple le paysan 13 a cultivé depuis son installation 16 variétés.



**Figure III-11.** Durée d'existence de chaque variété (numéro sur la deuxième ligne) chez les différents paysans (première ligne) qui l'ont cultivée à Kantchrott (écosystème pluvial).

## 2.6 Dynamique temporelle de la diversité variétale

### 2.6.1 Variation temporelle de la diversité variétale

#### *Nombre et type de variétés cultivées*

Dans les 15 villages étudiés à l'échelle de la région, les agriculteurs ont unanimement reconnu que le nombre de variétés cultivées a augmenté au cours des 20 dernières années. La comparaison entre le nombre de variétés qui existait vers 1980 et celui présent actuellement, déterminés par enquêtes, est cohérente avec cette affirmation générale. Les dires des agriculteurs indiquent une augmentation du nombre de variétés cultivées dans les 3 types de villages. Au total, dans les 15 villages, nous avons recensé 98 variétés en 1980 et 140 en 2003. Le nombre de variétés cultivées d'*O. sativa* augmente et celui d'*O. glaberrima* est stable (Figure III-5). La Figure III-6 montre que l'augmentation du nombre de variétés cultivées (*O. sativa*) se fait au profit des variétés à cycle plus précoce, les variétés à cycle plus tardif étant en baisse.

La comparaison du nombre de variétés présentes dans les villages de Kifinda (inondé) Kantchrott (pluvial) en 1980 et 2002 confirme l'observation faite à l'échelle de la région (Tableau III-5.). Le nombre total de variétés cultivées passe de 20 en 1980 à 28 en 2002 dans le village de riz inondé et de 15 à 20 pour le village de riz pluvial. Le nombre de variétés d'*O. glaberrima* est resté stable alors que celui d'*O. sativa* a augmenté. Dans le village de riz inondé, cette augmentation concerne essentiellement des variétés améliorées, de cycle moyen à précoce.

#### *Age des variétés au niveau des villages*

La durée d'existence dans les deux villages d'un nombre relativement important de variétés n'a pas pu être déterminée du fait que les dates d'introduction et/ou d'abandon sont inconnues. L'étude de l'âge des variétés dans les villages montre néanmoins que la diversité variétale est relativement stable. Dans les deux écosystèmes, près de la moitié des variétés cultivées actuellement ont plus de 20 ans, 46 % en écosystème inondé et 41 % en pluvial.

En écosystème inondé (Figure III-7), 7 variétés sont spécifiques à 1980 et 15 sont spécifiques à 2001. En pluvial (Figure III-8), 4 variétés sont spécifiques à 1980 et 10 sont spécifiques à 2001. Entre les deux époques, 1980 et 2001, il y a 16 variétés introduites à Kifinda (inondé) et 17 à Kantchrott (Pluvial). Le nombre de variétés abandonnées est respectivement de 6 et 12. Ainsi, si le taux d'introduction est similaire entre les deux villages, celui d'abandon est moindre en milieu inondé. Notons que nous n'avons pas trouvé de cas où une variété cultivée puis abandonnée au niveau d'un village serait re-cultivée par la suite. Il en est de même au niveau des exploitations (Figures III-9 et III-10)

#### *Age des variétés au niveau des exploitations*

L'âge d'une variété au niveau d'un village est nécessairement au moins égal à son âge le plus élevé au niveau des exploitations. Cet âge est très variable. Ainsi, la Figure III-11 montre à titre d'exemple que l'âge dans les exploitations de la variété 51 (Djou Kème d'*O. sativa*) varie de 5 à 32 ans, celui de la variété 81 (Kimbéli d'*O. glaberrima*) de 3 à 23 ans.

Le nombre de variétés qui se maintiennent durant toute la vie de l'exploitation est très faible. Les paysans ne semblent pas être attachés à une variété pour le simple plaisir de conserver la diversité variétale. Au contraire, le renouvellement des variétés est fréquent. Un nombre



**Tableau III-6** : nombre de variétés total de variétés cultivées par exploitation depuis son installation à maintenant, nombre de variétés cultivées à l'installation et en 2002, et âge minimum et maximum des variétés dans chaque exploitation.

Paysan	Nombre variétés			Âge des variétés		
	Année installation	Âge exploitation	Connues installation	Année 2002	Mini	Maxi
<b>Village écosystème inondé</b>						
1			13	1	6	
2			21	2	10	
3			18	3	7	
4	1996	6	5	1	4	4 7
5	1970	32	10	1	7	3 12
6	1981	21	16	2	7	1 16
7	1971	31	10	3	7	3 31
8	1973	29	14	2	4	2 15
9	1987	15	27	4	4	1 8
10	1979	23	4	1	2	6 9
11	1980	22	15	1	2	7 16
<b>Village écosystème pluvial</b>						
12	1970	32	12	2	6	3 24
13	1978	24	16	1	7	1 12
14	1970	32	5	2	3	10 32
15	1983	19	6	2	6	2 19
16	1990	12	5	1	2	1 9
17	1984	18	6	1	6	1 18
18	1983	19	3	1	2	4 19
19	1981	21	4	1	1	3 15
20	1992	10	6	3	2	1 6
21	1996	6	3	1	2	3 6
22	1974	28	5	1	2	3 8
23	1973	26	8	2	2	1 29
24	1989	13	5	1	3	1 13

**Tableau III-7.** Origine des variétés de riz connues dans 15 villages de la Guinée Maritime et dans les deux villages contrastés et leur importance exprimée par le nombre de variétés et pourcentage du nombre de variétés

Type d'introducteurs	Echelle région (15 villages)		Echelle village (2 villages)	
	Ecosystème inondé (7 villages)	Ecosystème pluvial (8 villages)	Kifinda (Inondé) (11 exploitations)	Kantchrott (Pluvial) (13 exploitations)
Dans village*	4 (4.5 %)	2 (2.5%)	1 (5.2 %)	2 (9.5 %)
Village voisin**	22 (25.0 %)	42 (53.2 %)	4 (21.0 %)	8 (38.1 %)
Village lointain***	12 (13.6 %)	27 (34.1 %)	2 (10.5 %)	10 (47.6 %)
Village très lointain****	11 (12.5 %)	4 (5.1 %)	5 (26.3 %)	1 (4.8 %)
Station recherche*****	37 (42.0 %)	4 (5.1 %)	7 (36.8 %)	0 (0.0 %)
Total	88 (100 %)	79 (100 %)	19 (100 %)	(100 %)
Inconnu	186 (67.9 %)	99 (55.6 %)	23 (54.7 %)	16 (43.2 %)
Total général	274 (100 %)	178 (100 %)	42 (100 %)	37 (100 %)

\*Les variétés qui proviennent des villages dans lesquels elles sont cultivées sont des variétés formellement reconnues par les paysans comme sélectionnées par un paysan du village.

\*\* Village voisin = éloigné du village de 0 à 15 km

\*\*\* Village lointain = éloigné du village de 15 à 100 km

\*\*\*\* Village très lointain = éloigné du village de plus de 100 km

\*\*\*\*\* Stations de recherche = nationales (CRA Koba et CRA Kilissi en Guinée et Kabouchank en Guinée Bissau) et internationale (ADRAO Rokupr en Sierra Leone et Bouaké en Côte d'Ivoire).

**Tableau III-8.** Canal d'introduction des variétés connues dans 15 villages de la Guinée maritime, et en particulier dans les villages de Kifinda et Kantchrott.

Type d'introducteurs	Echelle région		Echelle village	
	Ecosystème inondé (7 villages)	Ecosystème pluvial (8 villages)	Kifinda (Inondé) (11 exploitations)	Kantchrott (Pluvial) (13 exploitations)
Etranger	5 (6.1 %)	3 (3.7 %)	0 (0.0 %)	0 (0.0 %)
Femme village	21 (25.6 %)	5 (6.2 %)	5 (33.3 %)	2 (9.1 %)
Homme village	17 (20.1 %)	70 (86.4 %)	3 (20.0 %)	20 (90.9 %)
Service pub.	39 (47.5 %)	3 (3.7 %)	7 (46.7 %)	0 (0.0 %)
Total	82 (100 %)	81 (100 %)	15 (100 %)	22 (100 %)
Inconnu	192 (70.1 %)	97 (54.5 %)	27 (64.3 %)	15 (40.5 %)
Total	274 (100 %)	178 (100 %)	42 (100 %)	37 (100 %)

relativement important de variétés ne dépasse pas les 10 ans d'âge. Certaines d'entre elles sont abandonnées à l'issue de leur test qui dure généralement entre 1 et 3 ans. D'autres sont adoptées puis abandonnées quelques années plus tard. Les pertes de variétés sont très rares.

Les paysans du village de l'écosystème inondé, où la variabilité des conditions du milieu est plus importante, renouvellent plus fréquemment les variétés que ceux du village de l'écosystème pluvial (Figures III-9 et III-10). Les variétés se maintiennent alors plus longtemps dans les exploitations du village de l'écosystème pluvial. Dans les deux villages, on peut rencontrer quelques paysans qui renouvellent très peu les variétés. Par exemple le paysan 10 du village de Kifinda (Figure III-9), installé en 1979, n'a cultivé au total que 4 variétés à raison d'une à deux par an et n'a renouvelé ses variétés que deux fois. Il est également parmi les rares paysans de ce village à ne jamais cultiver les variétés améliorées. Celui-ci peut être considéré comme paysan conservateur, attaché à ses variétés et aux variétés traditionnelles. Un cas similaire a été observé dans le village de l'écosystème pluvial, il s'agit du paysan 14 (Figure III-10) qui n'a utilisé que 5 variétés depuis son installation en 1964 avec un taux de renouvellement variétal le plus bas dans ce village. Il a d'ailleurs deux variétés qu'il a conservées plus de 30 ans.

Lors de leur installation, les paysans commencent la culture de riz avec une ou deux variétés le plus souvent (Tableau III-6). Au fil du temps, ils augmentent le nombre de variétés avec l'augmentation de la taille de la famille. L'augmentation de la charge familiale se traduit par une augmentation de la surface à cultiver par l'exploitant (nombre de parcelles en culture inondée).

## **2.6.2 Origine des variétés cultivées**

### ***Provenance géographique***

Le Tableau III-7 indique l'origine des variétés connues dans les villages étudiés. On note qu'il y a une proportion élevée de variétés dont les agriculteurs ne connaissent pas l'origine. Cette proportion est plus élevée dans l'écosystème inondé que dans l'écosystème pluvial, ce qui pourrait s'expliquer par le faible niveau de participation des femmes aux enquêtes alors qu'elles introduisent plus de variétés que les hommes dans le cas de la riziculture inondée.

Peu de variétés sont dites en moyenne être originaires du village où elles sont cultivées, et donc être le produit de sélection locale. Néanmoins, dans le village de Kantchrott où une enquête plus fouillée a été menée, près de 10% des variétés ont été sélectionnées dans le village d'après les agriculteurs.

La majorité des variétés sont dites provenir de villages voisins ou lointains. La contribution des stations de recherche est plus forte dans l'écosystème inondé que dans l'écosystème pluvial, ce qui va de pair avec la plus grande présence des variétés améliorées et des projets de développement agricole. Néanmoins la contribution du système informel est largement majoritaire dans l'origine des variétés connues.

### ***Sources d'introduction***

Le Tableau III-8 présente les résultats des enquêtes concernant les canaux d'introduction de variétés. Ni les agriculteurs de Kantchrott, ni ceux de Kifinda ne connaissent les introducteurs de toutes les variétés connues dans leur village. L'essentiel des variétés est introduit par les habitants des villages. A Kantchrott, ce sont les hommes du village qui assurent l'essentiel de l'introduction variétale, la contribution des femmes étant très faible à ce niveau. Par contre, à Kifinda, les femmes introduisent plus de variétés que les hommes, 21 % contre 17 %. Ces résultats sont cohérents avec l'observation que, à Kifinda, village de l'ethnie Bagas, la culture

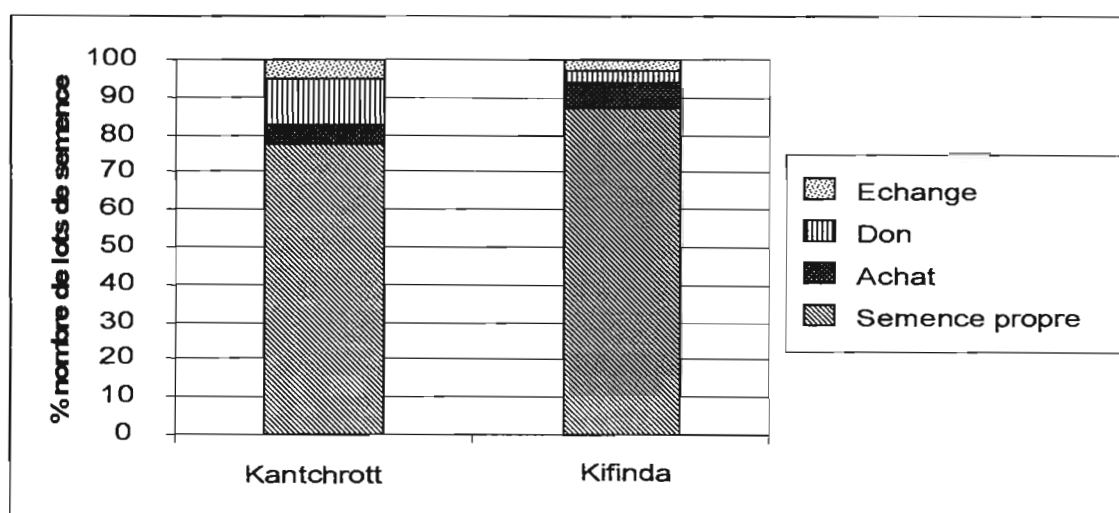
**Tableau III-9.** Modalités d'obtention de variétés dans les deux villages d'étude contrastés

Type d'introducteurs	Inondé	Pluvial
Echange	73 (48.6 %)	36 (42.3 %)
Don	38 (25.3 %)	31 (36.5 %)
Achat	12 (8.0 %)	12 (14.1 %)
Héritage	14 (9.3 %)	3 (3.5 %)
Prestation	1 (0.7 %)	3 (3.5 %)
Serv. Publ	12 (8.0 %)	0 (0.0 %)
Total	150 (100 %)	85 (100 %)
Inconnu	4 (2.6 %)	0 (0.0 %)
Total	154 (100 %)	85 (100 %)

**Tableau III-10 :** Relation entre fournisseur et acquéreur de nouvelles variétés dans les deux villages contrastés

	Inondé	Pluvial
Parents*	82 (53 %)	54 (63.6 %)
Beau parent	28 (18.2 %)	16 (18.8 %)
Ami	15 (10 %)	4 (4.7 %)
Autre	29 (18.8 %)	11 (12.9 %)
Total	154 (100 %)	85 (100 %)

\*Parents = Père, mère oncle, frère et sœur.

**Figure III-12.** Origine des lots de semences cultivés par les agriculteurs des villages de Kantchrott (pluvial) et Kifinda (inondé)

de riz est principalement gérée par les femmes, alors qu'à Kantchrott, chez les Landouma, ce sont les hommes qui gèrent la culture de riz.

### ***Modalités d'introduction***

Les variétés que les agriculteurs introduisent dans leur exploitation sont obtenues de plusieurs manières (Tableau III-9). Que l'on soit en écosystème inondé ou en pluvial, à Kantchrott en culture pluviale ou à Kifinda en culture inondée, la hiérarchie des modes d'obtentions des variétés est similaire. Echanges et dons sont les modes principaux, suivis par des modes minoritaires tels que héritage, achat, prestation et services publics.

Les modes « non-marchands » d'acquisition de variété sont ainsi majoritaires. L'échange est le principal mode d'obtention de nouvelles variétés. Lorsque les agriculteurs repèrent les variétés qui les intéressent dans les champs de leur voisin, la première manière d'obtenir les semences de celles-ci est de proposer un échange au détenteur de la variété. Les dons de semences constituent le second mode d'obtention de nouvelles variétés au niveau des deux villages.

Le lien familial est primordial. Les échanges de variétés se réalisent préférentiellement entre les parents, notamment entre père, mère, beaux-parents et fils (Tableau III-10), quelque soit le type de riziculture.

Comme déjà mentionné plus haut, l'effet des services publics n'est visible qu'en écosystème inondé (Tableau III-9). Les services publics y apportent aux agriculteurs de nouvelles variétés à travers les expérimentations en milieu paysan ou bien à travers la diffusion de nouvelles variétés par les services de vulgarisation.

### ***Production de semences***

Le système d'approvisionnement en semences peut être formel ou informel. Le processus d'approvisionnement en semences de l'échantillon d'exploitants suivis dans les deux villages contrastés est plutôt informel. Dans ce système, chaque exploitant s'organise, chaque année, pour mobiliser les semences dont il a besoin.

A la récolte, chaque exploitant se constitue son stock de semences en prélevant sur chacune des variétés qu'il envisage de reconduire l'année suivante la quantité qu'il juge suffisante avec une marge de sécurité de près de 60 %. Ces semences sont prélevées avant, ou plus fréquemment, après le battage, séchées et stockées dans les sacs ou dans les greniers. Ce stock est placé sous la responsabilité du chef de ménage ou de l'une des épouses. Ce type de semence est désigné ici « semence propre ». Une partie de cette semence prélevée à la récolte est par fois utilisée par les exploitants pour régler des problèmes monétaires ou alimentaires. Ce qui peut entraîner chez certains paysans des déficits en semences.

L'exploitation est la principale source de semence, plus de 80 % des lots de semences utilisées en 2001 par l'ensemble des exploitations suivies à Kifinda sont des semences propres (Figure III-12). Cette valeur dépasse 70 % pour le village de Kantchrott.

L'insuffisance de la semence propre dans les exploitations est comblée par un apport externe de semences obtenues par échange, don ou achat dans le village ou hors du village. Les semences obtenues hors de l'exploitation sont désignées ici par « semences étrangères ». Celles-ci ne sont pas seulement des semences destinées à combler un déficit en semence au niveau des exploitations. Il s'agit aussi des semences destinées à l'introduction de nouvelles

**Tableau III-11.** Comparaison entre nombre de lots de semences propres et nombre de lots de semences étrangères utilisées en 2001 et en 2002 par les exploitants suivis dans les deux villages d'étude

Nom de village	Semence propre			Semence étrangère		Nbre total lots
	N° paysan	Nombre de lots	% nbre de lot	Nombre de lots	% nbre de lot	
Kifinda (inondé)	1	11	84,6	2	15,4	13
	2	18	90,0	2	10,0	20
	3	9	75,0	3	25,0	12
	4	7	87,5	1	12,5	8
	5	9	90,0	1	10,0	10
	6	2	25,0	6	75,0	8
	7	7	87,5	1	12,5	8
	8	6	100,0	0	0,0	6
	9	8	100,0	0	0,0	8
	10	4	100,0	0	0,0	4
	11	0	0	3		3
<b>Total Kifinda</b>		<b>81</b>	<b>81,0</b>	<b>19</b>	<b>19,0</b>	<b>100</b>
Kantchrott (pluvial)	12	4	50,0	4	50,0	8
	13	5	71,4	2	28,6	7
	14	5	83,3	1	16,7	6
	15	9	81,8	2	18,2	11
	16	4	80,0	1	20,0	5
	17	6	54,5	5	45,5	11
	18	4	100,0	0	0	4
	19	2	66,7	1	33,3	3
	20	5	83,3	1	16,7	6
	21	3	60,0	2	40,0	5
	22	3	75,0	1	25,0	4
	23	1	25,0	3	75,0	4
	24	5	71,4	2	28,6	7
	<b>Total Kantchrott</b>		<b>56</b>	<b>69,1</b>	<b>25</b>	<b>30,9</b>

**Tableau III-12.** Caractères sur lesquels les agriculteurs se fondent pour sélectionner les variétés à cultiver. Les données sont issues des questionnaires soumis à 24 paysans suivis dans les deux villages d'étude de Kifinda et Kantchrott. La fréquence correspond au nombre de paysans qui déclarent un caractère donné pour une variété donnée.

Critères	Kifinda (inondé)	Kantchrott (pluvial)
Bon rendement	57 (49,6 %)	41 (49,4 %)
Cycle précoce	18 (15,6 %)	23 (27,7 %)
Gonfle bien à la cuisson	22 (19,1 %)	2 (2,4 %)
Bonne saveur	8 (6,9 %)	10 (12,05 %)
Beau grain	0 (0,0%)	4 (4,8%)
Aromatique	1 (0,9 %)	0 (0,0%)
Cycle moyen	2 (1,7 %)	0 (0,0%)
Publicité	0 (0,0%)	1 (1,2 %)
Gros grains	3 (2,6 %)	0 (0,0%)
Résistance sécheresse	0 (0,0%)	2 (2,41 %)
Résistance inondation	4 (3,5 %)	0 (0,0%)
<b>Total</b>	<b>115 (100 %)</b>	<b>83 (100 %)</b>

variétés dans les exploitations. Dans chacun des deux villages, le nombre de lots de semences destinées à combler le déficit en semences est presque égal au nombre de lots ayant servi à introduire de nouvelles variétés.

Nous nous sommes intéressés à la variabilité interindividuelle pour le taux d'autosuffisance en semences (Tableau III-11).

A l'exception d'un seul (paysan n° 18), tous les exploitants suivis à Kantchrott utilisent les deux types de semences, semence propre et semence étrangère. Quatre exploitants (paysans 12, 17, 21 et 23) de ce village utilisent, en plus des semences propres, une proportion importantes de lots de semences étrangères. A Kifinda, 3 paysans sur 11 n'utilisent que de la semence propre et un exploitant (paysan 11) n'a utilisé, pendant les deux années 2001 et 2002, que de la semence étrangère. Celui-ci est l'Imam du village, un paysan étranger et sans terre. Le riz qu'il produit est entièrement consommé par sa famille avant le début de la saison des cultures. Sa production reste toujours en deçà de ses besoins et il n'est jamais certain d'avoir la terre. Il cherche la semence chaque année après avoir obtenu la terre à cultiver. Un autre exploitant de Kifinda (paysan 6) qui utilise beaucoup plus de semences étrangères que de semences propres se trouve aussi dans une situation semblable à celle du précédent paysan. Il manque de terres et sa production est nettement insuffisante pour nourrir sa famille.

### **2.6.3 Critères de sélection des variétés cultivées**

Un aspect important qui conduit les paysans à détenir plusieurs variétés en même temps est l'introduction et l'expérimentation de nouvelles variétés.

Les agriculteurs utilisent simultanément plusieurs critères pour sélectionner les variétés à cultiver (Tableau III-12). Le nombre de fois où ces critères ont été énumérés par les exploitants permet d'apprécier leur importance. Le bon rendement est le critère qui a la fréquence la plus élevée dans les deux villages. L'atout majeur pour qu'une nouvelle variété soit adoptée est son rendement. La précocité des variétés est aussi un critère de choix de variétés important, notamment en culture pluviale. Les critères liés à la consommation viennent après ceux liés à la production. Le gonflement à la cuisson est un critère relativement important pour les agriculteurs de Kifinda alors que la bonne saveur des grains entre en ligne de compte dans les deux villages.

Le paysan cultive chaque saison plusieurs variétés en réponse à un ensemble de raisons d'ordre agronomique et socio économique qui ne sont pas facilement dissociables.

#### ***Gestion de la variabilité environnementale***

Dans les systèmes de culture extensifs, les conditions de milieu peuvent être très variables. C'est le cas en Guinée maritime. Pour gérer cette variabilité des conditions du milieu, les paysans utilisent la diversité variétale. En écosystème inondé, nous savons que les deux gradients écologiques les plus importants concernent le régime d'inondation qui varie des zones les plus hautes aux zones les plus basses et la salinité des sols qui varie des sols les plus salés, situés dans les mangroves de front de mer, aux plaines d'eau douce en passant par la mangrove ouverte, au niveau de salinité modérée. A titre d'exemple, la variété *O. glaberrima* Baga malé est exclusivement cultivée dans les cuvettes profondes, et la variété Rok5, tolérante à la salinité, est cultivée en majorité dans les casiers de mangrove de front de mer très salés. En écosystème pluvial, il existe aussi deux principaux gradients écologiques. Le premier est celui de la pauvreté des sols, qui varie selon l'âge de la friche et le second est celui du régime hydrique pour lequel on distingue les parties hydromorphes situées le long des cours d'eau et les parties sèches. Les variétés d'*O. glaberrima* sont par exemple cultivées

en priorité sur les sols les plus pauvres. Djou Kèmè, quand à elle est cultivée de préférence sur les sols hydromorphes situés le long des cours d'eau.

En écosystème inondé, nous avons noté que les agriculteurs qui ont plusieurs parcelles localisées à plusieurs endroits utilisent davantage de variétés que ceux qui ont moins de parcelles (ils couvrent moins de variabilité du milieu).

**Tableau III-13:** Caractères sur lesquels les agriculteurs se fondent pour abandonner les variétés à cultiver. Les données sont issues des questionnaires soumis à 24 paysans suivis dans les deux villages d'étude de Kifinda (inondé) et Kanchrott (pluvial). La fréquence correspond au nombre de paysans qui déclarent un caractère donné pour une variété donnée.

Critères	Kifinda (inondé)	Kanchrott (pluvial)
Cycle très précoce	4 (6.3 %)	4 (14.8 %)
Faible rendement	14 (22.2 %)	8 (29.6 %)
Grain durci	0	3 (11.1 %)
Compétition variétale	1 (1.6 %)	6 (22.2 %)
Ne réussit pas sol pauvre	0	3 (11.1 %)
Sensibilité à l'égrainage	8 (12.7 %)	2 (7.4 %)
Sensibilité à la sécheresse	6 (9.5)	1 (3.7 %)
Sens. Sel	6 (9.5 %)	0
Cycle long	17 (27.0 %)	0
Ne gonfle pas	3 (4.7 %)	0
Sensibilité à la verse	4 (6.3 %)	0
Total	63 (100 %)	27 (100 %)

**Tableau III-14 :** Causes de perte de variétés dans les exploitations suivies dans les deux villages d'étude de Kifinda (inondé) et Kanchrott (pluvial).

Critères	Kifinda	Kanchrott
Dégât sécheresse	0	2 (20 %)
Dégâts ennemis	2 (25 %)	4 (40 %)
Maladie du paysan	0	1 (10 %)
Manque terre	6 (75 %)	3 (30 %)
Total	8 (100 %)	10 (100 %)

#### ***Gestion du calendrier culturel et alimentaire.***

Une gamme de variétés à cycles végétatifs différents est nécessaire pour étaler la période d'installation de la culture et faire des récoltes décalées dans le temps. Pour caler le cycle culturel par rapport à la saison des pluies qui dure 5 mois, il est impératif que les semis soient réalisés dans un délai précis. Les variétés à cycle long, plus sensibles à cette contrainte, sont semées les premières, ensuite les variétés à cycle précoce. Il s'agit là d'une stratégie de valorisation du capital main d'œuvre chroniquement déficient dans cette région. La production principale de riz repose en général sur les variétés à cycle tardif. Les variétés à cycle précoces sont celles qui permettent aux paysans de faire les ajustements les plus importants. Leur période de semis est plus flexible. Elles peuvent être semées en même temps que les variétés à cycle long dans le but de faire des récoltes précoces et palier à la soudure alimentaire (elle se situe entre la fin des réserves et les premières récoltes de riz ou de fonio). Elles peuvent aussi être semées plus tard après celles de cycle long pour permettre aux agriculteurs d'allonger la période des semis et, par conséquent, d'étendre la surface cultivée



en riz. Elles permettent particulièrement de faire ce que les agriculteurs appellent le « semis de rattrapage » : en règle générale, toutes surfaces non semées avant la fin de juillet sont impérativement cultivées par des variétés à cycle court ou abandonnées.

#### ***Abandon et pertes de variétés***

Les variétés sont abandonnées (Tableau III-13) pour une ou plusieurs causes, comme par exemple un faible rendement, une forte sensibilité à l'égrainage, à la sécheresse, à la salinité ou à la verse, ou bien un riz qui a de mauvaises qualités des grains, notamment un riz qui n'a pas une bonne saveur ou bien qui ne gonfle pas bien à la cuisson.

Enfin, les variétés perdues par un agriculteur (Tableau III-14) le sont principalement en raison des ravageurs (en écosystème pluvial) ou par manque de terre (en écosystème inondé).

## 3- Discussion

### 3.1 Richesse variétale et maintien d'*O. glaberrima*

Nos résultats montrent qu'entre 1980 et 2002, le nombre de variétés cultivées par village a augmenté dans les deux villages contrastés, à Kifinda pour l'écosystème inondé (20 à 28) et à Kantchrott pour l'écosystème pluvial (15 à 20). La même tendance a été observée dans une enquête conduite dans 79 villages appartenant aux 4 régions naturelles de la Guinée dont la Guinée maritime (Barry et al., 2006a). En écosystème inondé, cette augmentation concerne principalement des variétés améliorées introduites dans les années 1990. L'augmentation du nombre de variétés par village est le fait des variétés d'*O. sativa*, notamment les variétés à cycle plus précoce. Le nombre de variétés d'*O. glaberrima* est stable.

Il est probable que le nombre de variétés cultivées en 1980 soit minimisé parce que les paysans ne se rappellent pas de toutes les variétés qui étaient cultivées à cette époque. Cependant, les paysans ont unanimement reconnu que le nombre de variétés cultivées dans leur village a augmenté entre les deux époques. La conclusion sur une réelle augmentation du nombre de variétés reste alors limitée mais, on peut dire, avec une quasi-certitude que le nombre de variétés cultivées par village n'est pas, pour l'instant, en diminution. L'introduction des variétés améliorées ne semble pas avoir jusqu'ici entraîné d'érosion de la diversité variétale. On retrouve en Guinée une situation comparable à celles décrites sur d'autres espèces : Brush et al. (1992) sur la pomme de terre, Bellon et Brush (1994), Louette et al. (1997) et Sanou (1996) sur le maïs, Bellon et al. (1998) sur le riz.

La richesse des noms de variétés recensés confirme donc que la Guinée maritime est une région importante pour la préservation des ressources génétiques. Même si on sait qu'il n'y a pas équivalence entre richesse des noms et diversité génétique (Barry et al. 2006d), la première est un indicateur relativement performant de la seconde, notamment lorsque les deux écosystèmes inondé et pluvial sont considérés.

Parmi les deux espèces, *O. sativa* est comme attendu la plus cultivée. La présence de l'espèce africaine de riz cultivé est cependant une information importante. *O. glaberrima* a en effet complètement disparu dans certaines régions comme en Afrique de l'Est (Bezançon 1994). En revanche, nos résultats montrent qu'elle se maintient encore en Guinée, à un degré qui n'est pas anecdotique.

Sachant qu'*O. glaberrima* fournit des rendements très bas par rapport à *O. sativa*, on peut se demander quelles sont les raisons qui font que cette espèce est encore très présente en milieu paysan. Deux raisons principales semblent expliquer son maintien encore en culture.

La première est la rusticité : les variétés de cette espèce peuvent, selon les paysans, donner des rendements intéressants dans les milieux difficiles où les variétés d'*O. sativa* ne donneraient que des rendements dérisoires. Par exemple, dans les zones profondes du littoral guinéen, c'est la variété « Baga malé » appartenant à *O. glaberrima* qui est cultivée en priorité. En culture pluviale, les paysans sèment les variétés d'*O. glaberrima* sur les sols les plus pauvres et les variétés d'*O. sativa* sur les sols les plus fertiles. Les paysans en écosystème pluvial semblent être encore attachés à cette espèce dans un contexte de baisse progressive de la fertilité des sols à cause de la réduction constante de la durée de la jachère.

La deuxième raison est la précocité. D'une manière générale, les variétés d'*O. glaberrima* sont précoces alors que celles d'*O. sativa* sont dans leur majorité de cycle plus tardif. Les agriculteurs les cultivent pour obtenir des récoltes précoces et palier à la soudure alimentaire qui devient de plus en plus longue et rude.

Il apparaît donc que le maintien de cette espèce pourra être menacé par l'amélioration de la fertilité des sols, et le développement de variétés *O. sativa* précoces en écosystème mileu pluvial. Nos données sur les changements intervenus entre 1980 et 2001 au niveau du nombre de variétés cultivées ne suggèrent pas que cette tendance soit initiée.

### **3.2 Importance relative des variétés**

L'analyse de la distribution des noms des variétés à l'échelle de la région montre que la très grande majorité des noms des variétés sont présents dans un seul village. Ce type de constatation a déjà été fait dans d'autres systèmes rizicoles, notamment en Inde (Pham et Morin, 1998). Cette observation paraît contradictoire avec nos résultats sur l'origine des variétés, montrant que peu d'entre elles sont originaires du village où elles sont cultivées. Cette contradiction peut s'expliquer d'au moins deux façons : une maille d'échantillonnage des villages trop large pour avoir inclus les villages « donateurs », ou un fort effet village dans la dénomination des variétés, celles-ci pouvant être renommées lors de leur introduction. Cette dernière explication paraît démentie par des résultats d'enquête (non présentés), montrant que plus de 97% des variétés à Kifinda et 94% à Kanchrott ont gardé leur nom lors de leur introduction.

Les variétés les plus répandues en écosystème inondé sont en majorité améliorées (4 sur 6). Leur dispersion dans la région peut s'expliquer par l'action de diffusion des services publics, en particulier les projets de développement. En écosystème pluvial, les variétés les plus répandues sont toutes traditionnelles dont trois d'*O. sativa* et deux d'*O. glaberrima*. Parmi les cinq, Djou Kèmè est la seule qui soit présente dans tous les villages. Cette dernière a fait l'objet d'un programme spécial de diffusion sur l'ensemble du territoire guinéen par le Ministère de l'agriculture dans les années 1970. Son adoption très large viendrait de son niveau élevé de rendement et de son adaptation généraliste.

L'analyse de la distribution des variétés à l'intérieur des villages indique que les variétés n'ont pas la même importance. Selon leur niveau d'utilisation, nous avons pu distinguer des variétés dites majeures et d'autres dites mineures. Les premières sont peu nombreuses mais sont cultivées par un grand nombre d'agriculteurs sur des surfaces importantes. Ce sont des variétés ayant prouvées leur adaptation aux conditions du milieu et à la qualité à la consommation souhaitée par les paysans. Elles semblent être toutes d'un bon niveau de rendement avec des qualités à la consommation appréciables : bonne saveur et bon gonflement à la cuisson. Les variétés mineures sont soit des variétés adaptées à des niches écologiques particulières, comme les zones inondées, soit des variétés de qualité exceptionnelle (aromatique) cultivées pour les hôtes, ou bien des variétés récentes en expérimentation ou bien encore des variétés dépassées en voie de disparition.

En terme démographique, les variétés majeures apparaissent moins sujettes à érosion que les variétés mineures. Pourtant, en dehors d'accident démographique (perte de semences) les variétés mineures adaptées à des niches écologiques ou culinaires particulières ne paraissent pas menacées tant que ces niches persistent. A l'inverse, on peut penser que les variétés majeures sont davantage sujettes à être supplantées par des variétés généralistes de plus haut rendement, qui pourraient être celles produites par les sélectionneurs nationaux.

### **3.3 Introduction, maintien et diffusion des variétés**

Les paysans expérimentent les variétés avant de les adopter ou non, cela apparaît très clairement par les fréquences d'introduction et d'abandon de variétés dans les exploitations, aussi bien en écosystème inondé qu'en pluvial. Les paysans semblent être constamment à la recherche de variétés plus performantes que les meilleures du moment. Le nom d'une variété identifiée récemment dans l'un des villages de l'écosystème pluvial, « Beppina Djou Kèmè » (qui signifie dans la langue Peulh « battra Djou Kèmè ») évoque cette volonté des paysans de faire évoluer le niveau de la production par la sélection variétale. Les nombreuses contraintes agro écologiques et socio économique auxquelles ils sont fréquemment confrontés justifient cette attitude dans un contexte d'agriculture extensive sans utilisation d'intrants agricoles (eau, semences, engrais, etc.). La sélection variétale par le processus expérimental se traduit ici par des introductions et des abandons fréquents de variétés dans les exploitations qui favorisent un brassage continu entre variétés et le maintien de la diversité variétale à l'échelle de la communauté villageoise.

Certains paysans introduisent et abandonnent les variétés plus fréquemment que d'autres. Cette différence de comportement des paysans vis-à-vis de l'introduction des variétés peut être interprétée comme une opposition entre innovateurs et conservateurs. Le fait que le nombre de paysans qui introduisent et abandonnent fréquemment les variétés dans leur exploitation soit beaucoup plus important signifierait que d'autres facteurs pourraient expliquer ce comportement, comme la grande diversité des contraintes du milieu qui accentuerait le rythme de l'expérimentation variétale chez la plupart des paysans.

Les paysans ne semblent pas se précipiter sur les nouvelles variétés introduites dans leur village. L'augmentation de l'importance relative des variétés est progressive, ce qui veut dire que, les paysans prennent leur temps pour observer la nouvelle variété dans les champs de ceux qui l'expérimentent avant de décider de l'introduire ou non dans leur exploitation.

Le nombre de variétés cultivées par paysan varie selon les écosystèmes. Il est plus important chez les paysans de l'écosystème inondé, probablement, parce que la disponibilité de matériel génétique a été plus importante en raison de l'intérêt que l'administration a toujours accordé à cet écosystème depuis le temps colonial. Le besoin de la diversité variétale serait encore plus important dans cet écosystème en raison de la plus grande variabilité des conditions du milieu et de la plus grande importance des surfaces cultivées par paysan (plusieurs parcelles localisées à différents endroits). L'hétérogénéité du milieu est un facteur fréquemment avancé pour expliquer le maintien d'une diversité variétale (Bellon et al. 1997), notamment chez le riz (Lando et Mak, 1994). Ce nombre augmente dans le temps, probablement, en raison de l'augmentation de la surface cultivée qui suit celle de l'effectif de l'exploitation. En général, les plus anciennes exploitations ont connu un plus grand nombre de variétés que les jeunes exploitations. Les paysans commencent par cultiver un petit nombre de variétés. A leur installation, la main d'œuvre est souvent limitée aux deux époux, qui augmentent progressivement leur nombre de variétés.

La dissémination des variétés est à la fois le fait de l'action des paysans et des services publics. Celle des paysans semble se réaliser de proche en proche, à travers les mécanismes traditionnels d'échange de matériel végétal entre paysans. Nos résultats montrent en effet l'importance des échanges non marchands, et de la proximité de parenté. Celle des services publics se réalise de façon ponctuelle par la recherche à travers les expérimentations en milieu paysan et par les programmes de vulgarisation. Le système informel de diffusion est sans doute le plus important parce que concernant tous les paysans de tous les villages de la région de façon continue alors que le système formel est non seulement discontinu mais aussi ne

touche qu'un très petit nombre d'agriculteurs. Dans tous les cas, les deux systèmes se complètent. Une fois qu'une variété donnée est introduite dans un village ou communauté de villages par les services publics, elle entre dans le processus de diffusion informel. La vie d'une variété à l'échelle d'un village et d'une région est ainsi la résultante d'une interaction entre des processus individuels (choix de variétés) et collectifs (échange de semences par exemple). Des actions de conservation qui ne porteraient qu'à un seul niveau se verraient probablement vouées à l'échec.

## Références :

Barry M.B., Diange A., Sogbossi M.J. , Pham J.L, Diawara S. & Ahmadi N., 2006a. Recent evolution of varietal diversity of rice in Guinea. New descriptors for the monitoring of *in situ* diversity in crop plant. (Sous presse).

Barry M.B., Pham J.L., Courtois B., Billot C. & Ahmadi N., 2006d. Ecogeographical distribution of rice (*O. sativa* & *O. glaberrima*) genetic diversity in Maritime Guinea based on molecular markers. Implications for *in situ* genetic resource conservation. (Sous presse).

Bellon, M.R., and Brush, S.B. 1994 - Keepers of maize in Chiapas, Mexico. *Economic Botany* 48: 196-209.

Bellon, M.R., Pham, J.L. and Jackson, M.T. (1997) Genetic conservation: a role for rice farmers. In: N. Maxted, B.V. Ford-Lloyd & J.G. Hawkes (eds), *Plant Conservation: the In Situ Approach*. Chapman & Hall, London. pp.263-289.  
Bezançon (1993)

Bellon, M. R., Pham, J.L., Sebastian, L.S., Francisco, S.R., Loresto, G.C., Erasga, D., Sanchez, P., Calibo, M., Abrigo, G., Quilloy, S. 1998. Farmers' perceptions of varietal diversity: implications for on-farm conservation of rice. Pages 95-108. In S. Smale (ed), *Farmers, Gene Banks and Crop Breeding*. Kluwer Academic Publishing.

Bezançon G., 1994. Le riz cultivé d'origine africaine *Oryza glaberrima* Steud. et les formes sauvages et adventices apparentées : diversité, relations génétiques et domestication. Thèse de Doctorat d'Etat. Université de Paris-Sud (Centre d'Orsay). TDM n°115, ORSTOM éditeur, 232 p.

Brush S.B., Taylor J.E., Bellon M.R., 1992. Biological diversity and technology adoption in Andean potato agriculture. *J. Dev. Econ.* 39:365-387.

Lando R.P. & S. Mak, 1994. Cambodian farmers decisionmaking in the choice of traditional rainfed lowland rice varieties. *IRRI Research Paper Series* 154.

Louette D., Charrier A. & Berthaud J., 1997. In situ conservation of maize in Mexico: Genetic diversity and maize seed management in a traditional community. *Econ. Bot.* 51(1):20-38.

Morin H., 2006. Une arche de Noé végétale va être créée sous le Spitzberg. *Le Monde*, édition du 21.06.06.

Pham J.L. & Morin S.R., 1998. On-farm conservation research: assessing biodiversity and indigenous knowledge. Workshop of the participants of the IRRI-coordinated project on farmer participatory breeding. *Indian International Center, Delhi, March 23-24 1998*.

Pham J.L. & Van Hintum Th.J.L., 2000. Genetic diversity in agro-ecosystems. In : *Encouraging diversity. The conservation and development of plant genetic resources* (eds C. Almekinders and W de Boef). Intermediate Technology Publications, London, UK. Pp.8-14.

Sanou J., 1996. Analyse de la variabilité génétique des cultivars locaux de maïs de la zone de savane Ouest africaine en vue de sa gestion et de son utilisation. Thèse de Doctorat de l'Ecole Nationale Supérieure Agronomique de Montpellier.

## **DEUXIEME PARTIE**

### **DIVERSITE GENETIQUE DU RIZ EN GUINEE MARITIME**

La deuxième partie est consacrée à l'étude de la diversité génétique du riz à différentes échelles spatiales et d'organisation sociale et à l'échelle temporelle. Elle est organisée en 4 articles :

- 1- Genetic diversity of the two cultivated rice species (*O. sativa* & *O. glaberrima*) in Maritime Guinea. Evidence for interspecific recombination.
- 2- Ecogeographical distribution of rice (*O. sativa* & *O. glaberrima*) genetic diversity in Maritime Guinea based on molecular markers. Implications for *in situ* genetic resource conservation.
- 3- Diversité génétique des riz cultivés (*O. sativa* et *O. glaberrima*) aux niveaux du champ paysan, de l'exploitation agricole et du village en Guinée, évaluée par les marqueurs SSR.
- 4- Analyse de l'évolution temporelle (1979/82 – 2003) de la diversité génétique du riz dans 6 villages de la Guinée maritime basée sur les noms des variétés et les marqueurs moléculaires.



## **Chapitre IV :**

**GENETIC DIVERSITY OF THE TWO CULTIVATED RICE SPECIES (*O. SATIVA* & *O. GLABERRIMA*) IN MARITIME GUINEA. EVIDENCE FOR INTERSPECIFIC RECOMBINATION.**

## Chapitre IV : GENETIC DIVERSITY OF THE TWO CULTIVATED RICE SPECIES (*O. SATIVA* & *O. GLABERRIMA*) IN MARITIME GUINEA. EVIDENCE FOR INTERSPECIFIC RECOMBINATION.

Barry M.B<sup>1</sup>, Pham J.L<sup>2</sup>, Noyer J.L<sup>3</sup>, Billo C<sup>3</sup>., Courtois B<sup>3</sup>. & Ahmadi N.<sup>4</sup>

1 : Institut de Recherche Agronomique de Guinée, PB 1523, Conakry, Guinée.

2 : UMR DGPC/ IRD, Av. Agropolis, 34398 Montpellier Cedex 5, France.

3 : UMR PIA, CIRAD, Av. Agropolis, 34398 Montpellier Cedex 5, France.

4 : UR Peuplements de riz, CIRAD, TA70/03, Av. Agropolis, 34398 Montpellier Cedex 5, France.

(✉): [ahmadi@cirad.fr](mailto:ahmadi@cirad.fr)

### Summary

In Maritime Guinea, the interpenetration of upland, lowland and mangrove rice growing ecosystems has found expression in the cohabitation of the two rice cultivated species. Recent changes in cropping practices may lead to the replacement of local varieties by modern high-yielding varieties. In the framework build-up of a strategy for the preservation of local varieties, we analysed the extent, the organisation and the specificities of the rice genetic diversity. One hundred seventy accessions collected in farmers' fields were genotyped with 11 SSR markers and phenotyped with 26 morpho-physiologic descriptors. The general organisation of rice genetic diversity in Maritime Guinea, and its tight relationship with the rice growing ecosystems were similar to the one observed elsewhere. The two major subspecies of *O. sativa* - *indica* and tropical *japonica* – as well as the two major ecotypes of *O. glaberrima* - "floating" and "upright"- were present. Moreover, an original genetic compartment was detected, highlighting the occurrence of *glaberrima* x *sativa* hybridisation. Allelic diversity was found to be comparable to that noted worldwide for *indica* and *japonica* groups of *O. sativa*, but not as large for *O. glaberrima*. Given its extent, its original compartment, and its potential for inter-specific and inter-subspecific *indica* x *japonica* recombination, the preservation of rice genetic diversity in Maritime Guinea deserves special attention.

**Keywords:** Conservation, Diversity, Guinea, *O. glaberrima*, *O. sativa*, Rice.

## Introduction

Rice cropping is a very ancient tradition in Guinea. Accounts of Eustache de la Fosse “travelling to the occidental coasts of Africa” 1479-1480, attest large-scale rice cropping in Guinea well before the Portuguese introduced the Asian rice, *Oryza sativa*, varieties. The rice sample observed by Steude in 1885 to create and describe the African cultivated rice species *Oryza glaberrima* originated from Guinea (Godon, 1991; Portères, 1955). Thanks to the diversity of rice growing ecosystems, Guinea is a large reservoir of rice genetic diversity in West Africa (Ghesquièrre & Second, 1983). The country is considered centre of diversification of *O. glaberrima* (Portères, 1950) and the most relevant place for in situ conservation of African rice species (Bezançon, 1995).

Maritime Guinea, also called “lower Guinea”, is the most emblematic natural region of Guinea regarding the diversity of rice cropping systems. Almost all types of rice cropping are present: rainfed upland rice in slash-and-burn system, rainfed lowland rice in a continuum of fluvial plain, inland valley and mangrove rice with different degrees of crop exposure to soil and water salinity (Beavogui et al., 2000). The interpenetration of different rice growing ecosystems has found expression in the cohabitation of the two cultivated species, which may have given rise to an original genetic diversity through interspecific recombination. In another respect, recent public efforts to improve regional rice productivity have led to the introduction of new cropping practices, including modern rice varieties. This process may lead to the replacement of local varieties by modern high-yielding varieties and, thus, endanger the conservation of local genetic resources.

The importance of the genetic diversity of rice in this region has prompted the Institut de Recherche Agronomique de Guinée (IRAG) to develop conservation strategies. In the framework of developing such a strategy for rice genetic resources, the aim of this study was to document the extent, the organisation and the specificities of the rice genetic diversity in Maritime Guinea.

## 1. Materials and methods

### 1.1 Plant collection

The rice plant material was collected in 2001 by B. Barry, a Guinean scientist, as part of a broad study involving an analysis of farmers' management of rice varieties and seeds in Maritime Guinea, on a regional, village and farm scale. Fourteen villages were chosen to account for the agro-ecological diversity in the region on the basis of current agro-ecological zoning data (Beavogui et al., 2000). In each village an inventory of rice varieties was carried out. For each variety, a seed sample was collected in the field in the presence of a group of farmers who identified the variety by consensus agreement. For each variety, 15 panicles from 15 different plants, all belonging to the predominant phenotype recognised by the farmers, were collected in the same field. Before sampling, the research team determined whether the variety belonged to *O. glaberrima* or *O. sativa*, on the basis of the degree of panicle ramification. The ecosystem in which the variety was collected was also recorded. A total of 170 accessions were collected, 144 of which belonged to *O. sativa* and 26 to *O. glaberrima*. Ninety-three accessions were collected in a lowland ecosystem (LLE) and 77 in an upland ecosystem (ULE).

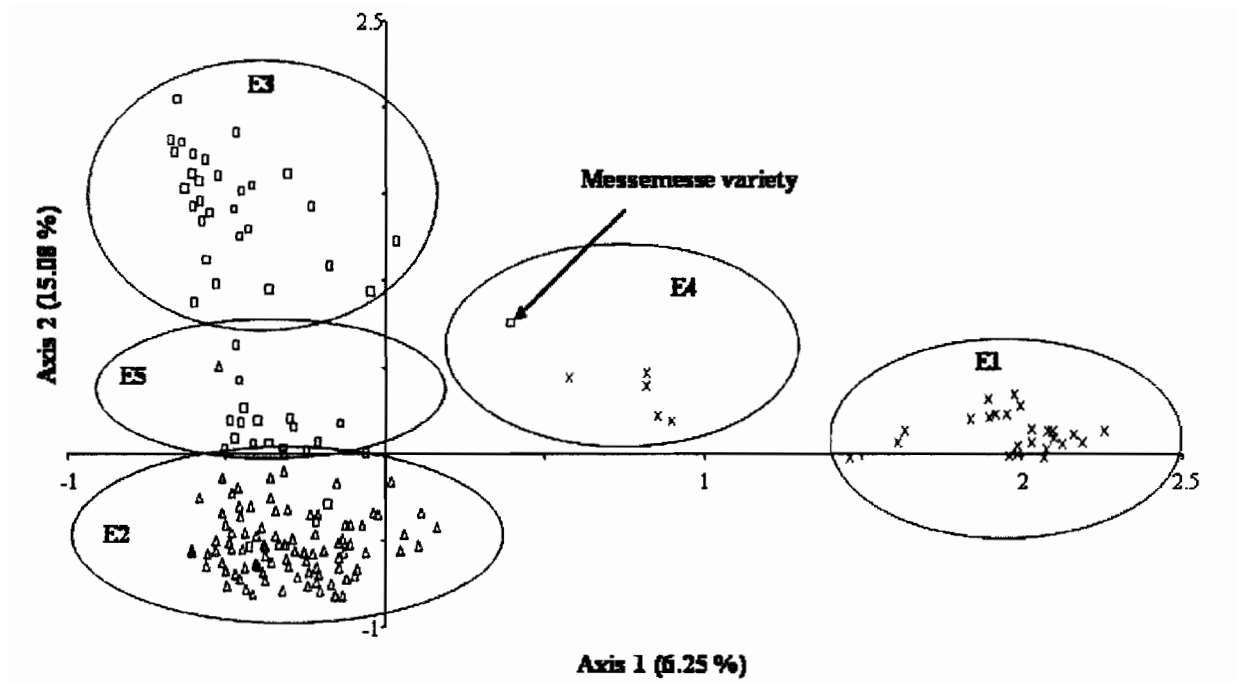
**Table IV-1: List of morpho-physiological descriptors**

Qualitative descriptors	Quantitative descriptors
Colour of seedling sheath	Duration of vegetative growth
Presence of ligules	Total duration
Leaf pilosity	Number of vegetative tillers
Angle of flag leaf	Number of fertile tillers
Lodging resistance	Length of flag leaf
Panicle exertion	Plant height
Panicle erectness	Panicle length
Panicle compactness	Number of spikelets per panicle
Secondary ramification	Sterility
Resistance to shattering	1000 grain weight
Aristation	Grain length
Apex colour	Grain width
Spikelet colour	
Caryopsis colour	

**Table IV-2: Diversity at 11 SSR loci**

Marker	Total (N=170)			<i>O. sativa</i>		<i>O. glaberrima</i>	
	Na	PIC	Ho	Na	PIC	Na	PIC
RM001	13	0.86	0.07	13	0.83	2	0.36
RM007	11	0.83	0.04	10	0.79	6	0.40
RM011	11	0.85	0.04	11	0.81	4	0.50
RM021	13	0.84	0.11	13	0.86	6	0.48
RM122	9	0.75	0.01	8	0.69	3	0.29
RM164	15	0.88	0.05	15	0.88	3	0.54
RM168	12	0.73	0.04	12	0.67	3	0.35
RM222	12	0.83	0.04	11	0.81	4	0.21
RM224	13	0.85	0.16	13	0.83	6	0.74
RM229	9	0.79	0.04	9	0.77	4	0.40
RM332	11	0.68	0.14	7	0.57	7	0.68
Total	129			122		47	
Mean	12	0.81	0.07	11	0.77	4	0.45

N: Number of accessions; Na: mean number of alleles per locus; H<sub>o</sub>: mean Heterozygosity rate per locus; PIC: Polymorphism Information Content



**Figure IV-1:** First plane of the correspondence analysis based on 171 accessions and 11 SSR loci. □ and Δ: upland and lowland *O. sativa*; x: *O. glaberrima*.

## 1.2 Genotyping

Eleven unlinked simple sequence repeats (SSR) loci were chosen on the basis of the polymorphism they had revealed in recent rice genetic diversity studies (Luce et al., 2001). Each accession was represented by a sample composed of a blend of young leaves from four plantlets derived from four different panicles. Total DNA was extracted according to the method described by Risterucci et al. (2000). PCR amplification was performed using Mastercycler 384-well plates (Eppendorf). The PCR products migrated in multiplex (two primer pairs) on acrylamide gel (7 or 8%) on a LiCor IR<sup>2</sup> DNA sequencer (genotyping platform at Génopole Montpellier Languedoc Roussillon, URR, PIA, CIRAD). Allele sizes were determined using the SAGA (version 3.2) software package, which encodes genes in base pairs using size markers deposited in one per eight wells for each gel. The *indica* IR 36 rice variety was used as control for all gels.

## 1.3 Phenotyping

In 2002, the 170 accessions and the control variety IR36 were cropped in the field under rainfed upland conditions for upland varieties and under irrigated conditions for lowland varieties at the Koba research station in Maritime Guinea. A complete randomised block experimental design was used with three replications. Each basic plot included three 5 m long rows with 50 cm row spacing. Fourteen qualitative characters and 12 quantitative characters were monitored (Table IV- 1) using IRRI's standard evaluation system for rice (<http://www.knowledgebank.irri.org/ses/SES.htm>).

## 1.4 Data analysis

Genotypic data were first assessed to detect and eliminate double accessions, i.e. accessions with different names but the same genotype. No accession was eliminated since no case of complete (11 loci) genotypic identity was detected. Then, data were analysed by correspondence analysis (hereafter called CAg) using GENETIX 4.04 software (Belkhir et al., 1996-2001). The genetic distance between accessions was calculated using the Dice similarity index (Saitou and Nei, 1987), and accessions were grouped using the neighbour-joining method (NJg) with DARWIN version 5.0 (Perrier et al., 2003). Phenotypic data were analysed by correspondence analysis (hereafter called CAp) using STATISTICA 5.5 software. Quantitative data were transformed into qualitative data by dividing their distributions into three classes of comparable range. Using the same data, the Dice similarity index was also calculated and presented as a tree display using the neighbour-joining method (NJp) with DARWIN version 5.0.

# 2. Results

## 2.1 Extent of the genetic diversity

A total of 129 alleles were detected (Table IV- 2). The mean number of alleles per locus was 12 (range 9-15). The mean PIC per locus was 0.81 (range 0.68-0.88). The heterozygosity rate ranged from 1 to 16%, depending on the accession, with a mean of 7%, but these Figure IV-s include both the heterozygosity and the intra-accession variability as each accession was actually represented by a blend of DNA from four individuals. The mean number of alleles per locus was 11 for *O. sativa* and 4 for *O. glaberrima*.

**Table IV-3: Frequency of the most frequent alleles of E4 subset in other subsets identified by Correspondence analysis (CAg)**

	E4 most frequent allele	Subset identified by CAg				
		E1 (21)	E2 (89)	E3 (39)	E4 (6)	E5 (15)
RM001	103*	0.75	0.01	0.06	0.20	0.00
RM007	202	0.00	0.03	0.05	0.60	0.00
RM011	144	0.00	0.00	0.05	0.60	0.00
RM021	152	0.07	0.13	0.05	0.60	0.00
RM122	256	0.00	0.00	0.02	0.80	0.00
RM164	264	0.02	0.00	0.01	0.80	0.00
RM168	111	0.05	0.02	0.05	0.60	0.00
RM222	000	0.95	0.02	0.07	0.83	0.00
RM224	159	0.07	0.02	0.06	0.80	0.47
RM229	140	0.77	0.17	0.03	0.80	0.07
RM332	188	0.02	0.01	0.03	0.80	0.00

(x): Number of accessions; \*: number of base pairs

**Table IV-4: Frequency of the most frequent alleles of E5 subset in other subsets identified by Correspondence analysis (CAg)**

	E5 most frequent allele	Subset identified by CAg				
		E1 (22)	E2 (89)	E3 (39)	E4 (6)	E5 (15)
RM001	99*	0.00	0.31	0.10	0.00	0.73
RM007	186	0.00	0.41	0.09	0.00	0.53
RM011	160	0.00	0.33	0.11	0.00	0.83
RM021	168	0.05	0.05	0.45	0.00	0.47
RM122	250	0.00	0.02	0.03	0.00	0.87
RM164	272	0.00	0.21	0.16	0.00	0.43
RM168	115	0.05	0.33	0.71	0.20	0.87
RM222	222	0.00	0.00	0.59	0.00	0.66
RM224	222	0.10	0.00	0.58	0.00	0.60
RM229	159	0.07	0.02	0.06	0.80	0.47
RM332	142	0.00	0.07	0.05	0.00	0.80
	198	0.00	0.25	0.19	0.00	0.87

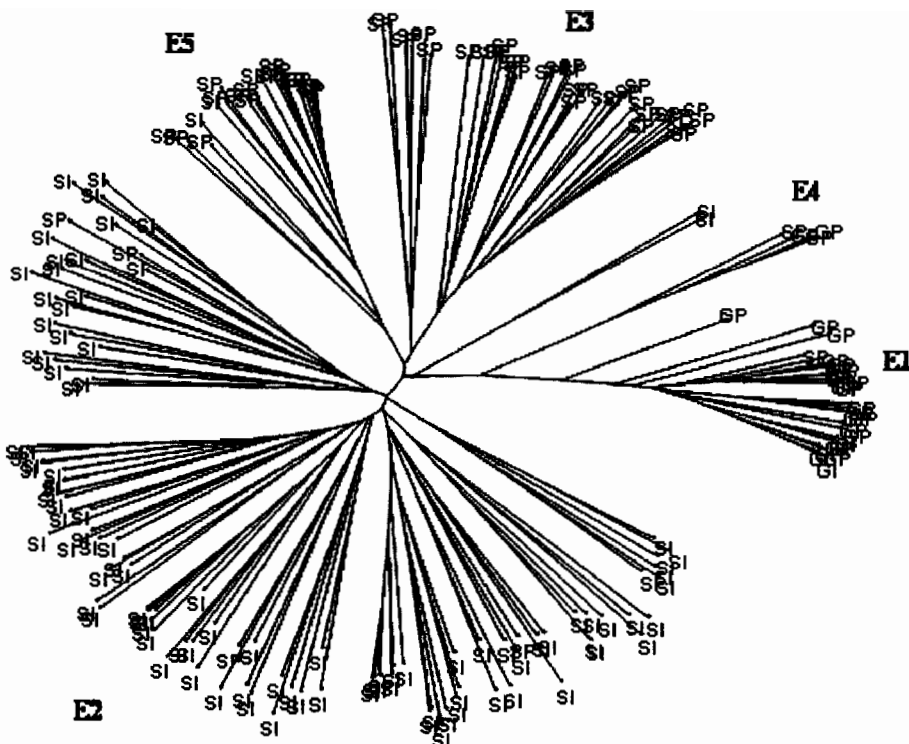
(x) : Number of accessions ; \*: number of base pairs

**Table IV-5: Frequency of the Messemesse variety alleles in the 5 subsets identified by Correspondence analysis (CAg)**

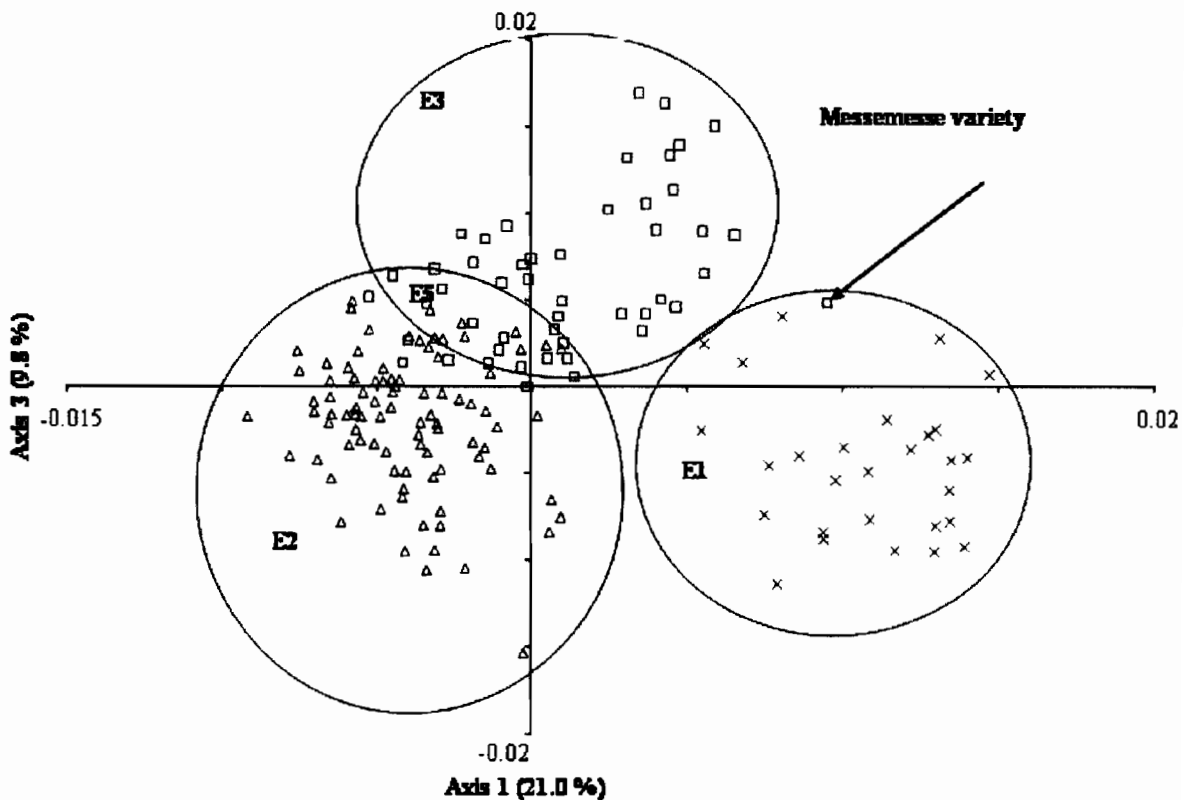
	Messemesse allele	Subsets identified by CAg				
		E1 (21)	E2 (89)	E3 (39)	E4 (5) <sup>a</sup>	E5 (15)
RM001	103*	0.75	0.01	0.06	0.20	0.00
RM007	202	0.00	0.03	0.05	0.60	0.00
RM011	142	0.00	0.18	0.20	0.20	0.33
RM021	148	0.79	0.00	0.05	0.20	0.00
RM122	256	0.00	0.00	0.03	0.80	0.00
RM164	264	0.02	0.00	0.01	0.80	0.00
RM168	113	0.86	0.01	0.01	0.60	0.00
RM222	222	0.00	0.00	0.59	0.00	0.66
RM224	159	0.07	0.02	0.06	0.80	0.47
RM229	134	0.07	0.52	0.08	0.20	0.07
RM332	186	0.05	0.60	0.56	0.20	0.00

(x): Number of accessions; a: Messemesse data were excluded

\*: number of base pairs

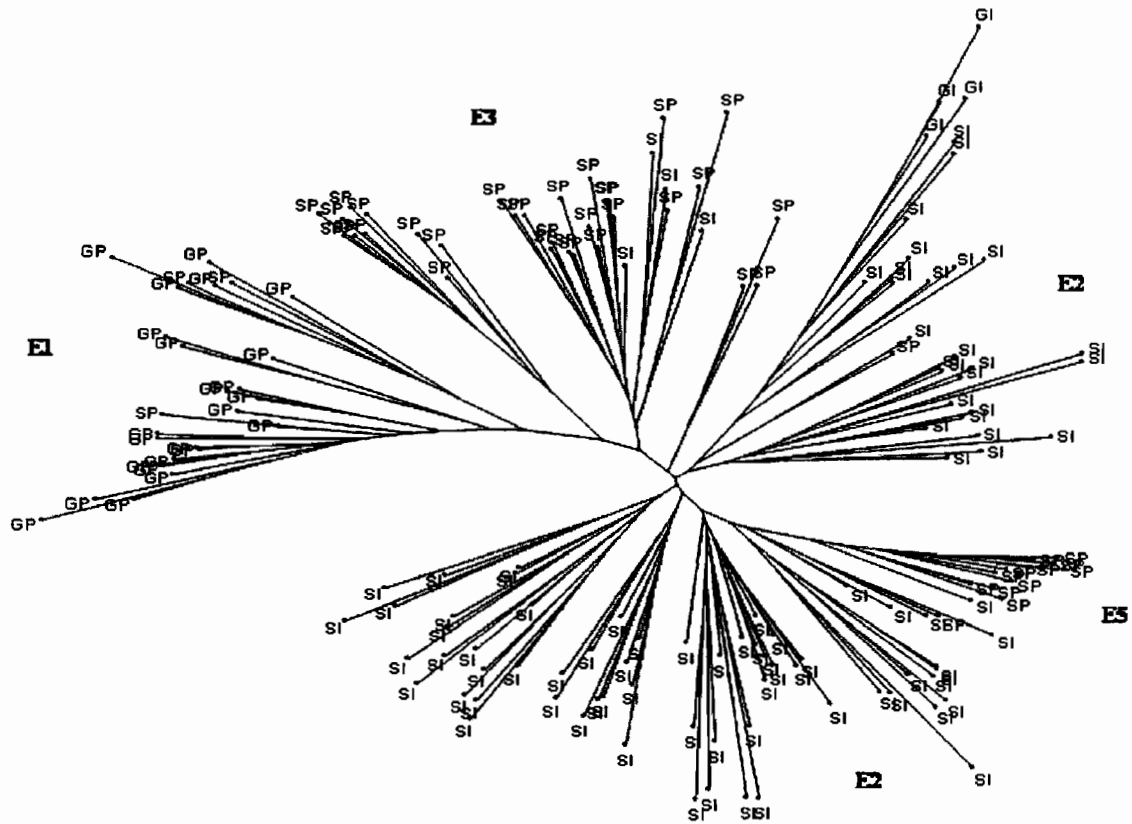


**Figure IV-2:** Unrooted neighbour-joining tree based on 171 accessions and 11 SSR loci. SI: lowland *sativa*; SP: upland *sativa*; GI: lowland *glaberrima*; GP: upland *glaberrima*.

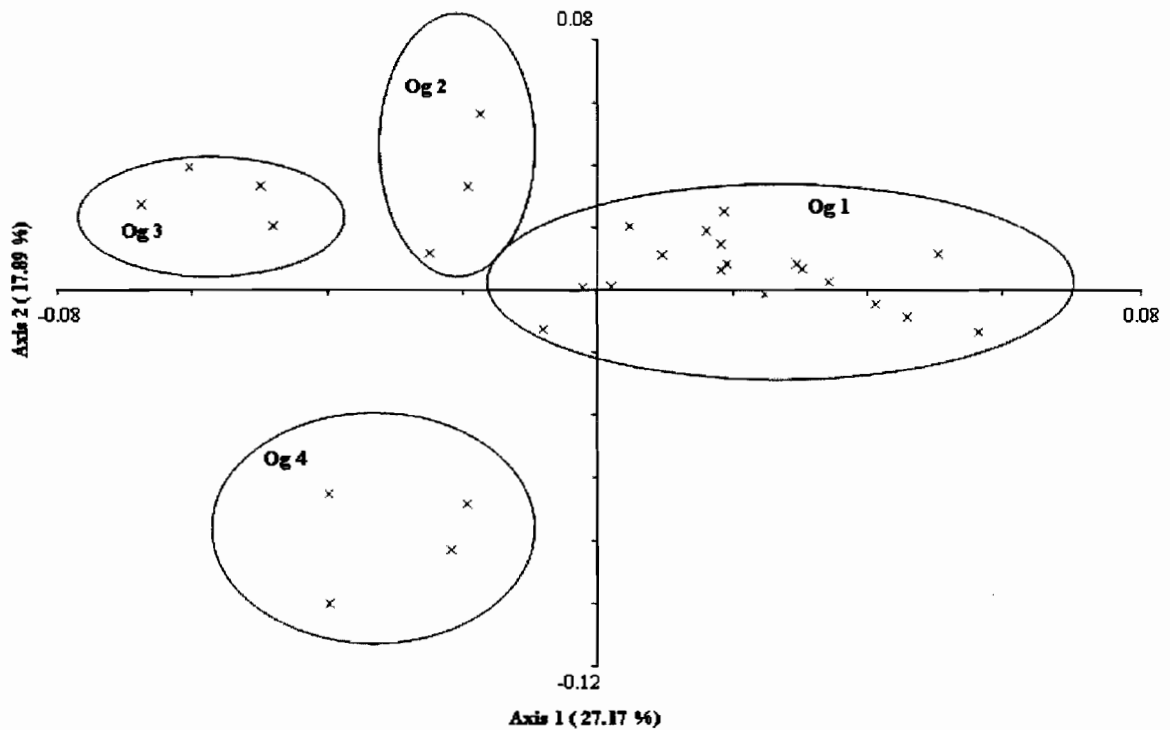


**Figure IV-3:** Second plane of the Correspondence analysis based on 171 accessions and 26 morpho-physiological characters. □ and Δ: upland and lowland *O. sativa*; x: *O. glaberrima*.





**Figure IV-4:** Unrooted neighbour-joining tree based on 171 accessions and 11 SSR loci. SI: lowland *sativa*; SP: upland *sativa*; GI: lowland *glaberrima*; GP: upland *glaberrima*.



**Figure IV-5:** First plane of the Correspondence analysis based on 29 *O. glaberrima* accessions and 26 morpho-physiological characters.

## 2.2 Genotypic diversity

The projection of the 170 accessions and control variety IR36 on the first plane of CAg (Figure IV- 1) revealed five subsets. Three of these subsets (E1, E2 and E3) corresponded to the well-known dual-species structure of cultivated rice, i.e. *O. sativa* and *O. glaberrima*, and the subdivision of *O. sativa* into the two subspecies *indica* and *japonica*. The two others (E4 and E5) seemed to be intermediate forms specific to Maritime Guinea.

The E1 subset indiscriminately pooled upland and lowland *O. glaberrima* accessions. E2 pooled 89 *O. sativa* accessions cultivated in LLE as well as the *indica* control IR36. E3 pooled 39 *O. sativa* accessions cultivated in ULE. E4 consisted of five *O. glaberrima* accessions and one *O. sativa* accession, both cropped in ULE. E5 was midway between E2 and E3 and pooled six accessions with the name Djou Kémé, five accessions with a name synonymous to Djou Kémé and three accessions derived from mass selection within Djou Kémé or from a cross with this variety.

The 5 subsets revealed by the CAg were not characterised by any strictly specific allele but rather by the high frequency of some alleles or/and by the presence of a specific allelic association. For instance the subset E4 differs from the other subsets, including E1, by the very high frequency of one allele at eight loci: RM7, RM11, RM21, RM122, RM164, RM168, RM224 and RM332 (Table IV- 3); similarly, E5 differed from the other subset cropped in ULE, E3, by an allelic association involving seven loci: RM1, RM7, RM11, RM122, RM164, RM229 and RM332 (Table IV- 4). The *O. sativa* accession (Messemesse) classified into E4 displayed an allelic association at loci (RM001, RM021 and RM168) present only in *O. glaberrima* subsets, E1 and E5 (Table IV- 5).

The hierarchical classification of accessions based on genetic distances per pair, using the Dice similarity index, fully confirmed the identified subsets (Figure IV- 2). The CAg and hierarchical classifications conducted separately with *O. sativa* and *O. glaberrima* accessions (results not shown) confirmed their subdivision into three and two subsets, respectively.

## 2.3 Phenotypic diversity

The phenotypic traits that most contributed to determining the CAp axes were panicle and grain characteristics and growth duration. Axis 1 was determined by panicle compactness (13%), secondary panicle branching (10%), caryopsis colour (9%) and grain width (7%). Axis 2 was determined by the grain length (17%), the duration of the sowing-heading cycle (14%), of the sowing-maturity cycle (14%) and the panicle length (13%). Axis 3 was determined by the grain width (13%), panicle compactness (11%), panicle leaf habit (10%), panicle habit (9%) and grain length (9%).

The plane axes 1 and 3 of CAp (Figure IV- 3) helped best to meet again the subsets identified through CAg. The *O. glaberrima* subset (E1), which had quite dispersed accessions, was located near the positive side of axis 1 and characterised by loose and barely ramified panicles, mainly with narrow grains and a red caryopsis. The subsets *indica* (E2) and *japonica* (E3) diverged along axis 1 by the grain width and colour and along axis 3 by the grain length. Upland varieties, which were mainly grown for self-consumption, had short wide grains, often with a red caryopsis. The intermediate subset between *indica* and *japonica* (E5) was also highlighted but not the one between *O. sativa* and *O. glaberrima*.

Interestingly, the *O. sativa* variety Messemesse, which was classified in the CAg as belonging to the intermediate subset E4, was found to be close to *O. glaberrima* on the basis of phenotypic characters. In order to turn down any doubt about the status of this variety, Messemesse plants were grown in glasshouse in Montpellier France. The presence of secondary ramification of the panicle confirmed the classification of Messemesse as an *O. sativa* variety.

The hierarchical classification of accessions (Figure IV- 4) confirmed the CAp results. Upland *O. glaberrima* and *O. sativa japonica* accessions were quite close, and lowland *O. glaberrima* were classified amongst *indica* accessions with long duration. The Djou Kémé group, despite the fact that it was mainly grown in ULE, was classified with medium-cycle *indica* accessions.

CAp carried out on *O. sativa* accessions only (results not shown) did not lead to further details on the organisation of phenotypic diversity. CAp on *O. glaberrima* accessions revealed four subsets (Figure IV- 5). Og1 consisted of 17 upland accessions characterised by small grains and short duration. Og2 included three upland accessions with intermediate-size grains. Og3 consisted of four upland accessions with wide grains and intermediate duration. While Og4 included four lowland accessions with long duration, and very tall plants producing long wide grains. The hierarchical classification (results not shown) confirmed the CAp results. The morpho-physiological diversity of *O. glaberrima* was thus found to be structured along two gradients: (i) an ecological gradient that distinguished lowland accessions from the upland ones; and (ii) a growth duration gradient that classified upland accessions in three subsets.

## **2.4 Agreement between genotypic and phenotypic structure patterns**

The organisations of genetic diversity revealed by the genotypic and phenotypic data were in agreement with respect to the worldwide components (species, subspecies) and local (Maritime Guinea) components. Both datasets highlighted the intermediate position of the Djou Kémé group between *indica* and *japonica*. However, the two structures did not match in terms of the genetic diversity of *O. glaberrima*, i.e. the genotypic structure did not account for the phenotypic structure according to the ecosystem and growth duration. The phenotypic structure did not show the intermediate E4 subset between *glaberrima* and *sativa* that was highlighted by the CAg. The genotypic and phenotypic data were thus complementary in describing the genetic diversity prevailing in our rice samples.

## **3. Discussion**

Direct comparison of the extent of rice genetic diversity in Maritime Guinea with those observed elsewhere is risky as it may be biased by the number and the type of accessions used to evaluate genetic diversity as well as by the number and the choice of the SSR loci. For instance, we noted very important differences in the polymorphism of some SSR loci depending on the species. The RM164 and RM1 loci were amongst the most polymorphic in *O. sativa* and the least polymorphic in *O. glaberrima*. Conversely, RM332 and RM7 were highly polymorphic in *O. glaberrima* but not very polymorphic in *O. sativa*. In the same way, though direct comparison of the diversity of *O. sativa* and *O. glaberrima* classify the first one far beyond the other, with 11 alleles per locus against 4, a comparison which takes into account the number of accessions dramatically reduces the difference: the mean number of alleles per locus within each species calculated on the basis of subgroups of 10 accessions obtained by 100 independent permutations was 3.6 in *O. sativa* and 2.6 in *O. glaberrima*. This difference was still significant and suggests that, irrespective of the sample size, the allelic diversity of *O. glaberrima* was not as high as that of *O. sativa*.

Nevertheless, compared to the literature data, the extent of rice genetic diversity in Maritime Guinea, as evaluated by the total number of alleles and the mean number of alleles per locus can be considered as quite important. In *O. sativa*, the mean number of alleles per locus was 10 in the *indica* group and 8 in the *japonica* group from Maritime Guinea, whereas it was found to be only 7.3 and 6.1, respectively, in the *indica* and *tropical japonica* groups in a

sample of 79 and 44 accessions representative of the genetic diversity of these groups worldwide, as genotyped using 169 SSRs (Garris et al., 2005). This higher number of alleles per locus could be partially due to the fact that the SSR loci used in our study were chosen for their high PIC levels. However, a comparison with the mean number of alleles detected ( $N_a = 9.5$ ) at the same SSR loci in a population of more than 400 Mediterranean rice varieties (Luce et al., 2001) revealed that the extent of allelic diversity that we observed in Maritime Guinea could not be solely explained by the choice of SSR loci used. In *O. glaberrima*, the mean number of alleles per locus noted in the 26 accessions from Maritime Guinea was much lower than reported by Semon et al. (2004). However, these authors used 93 SSR loci and analysed 198 accessions derived from all rice-growing ecosystems throughout Africa, whereas our *glaberrima* sample was mainly from upland ecosystems.

The general organisation of the rice genetic diversity in Maritime Guinea and its tight relationship with the rice growing ecosystems are similar to the one observed elsewhere. Regarding *O. sativa*, the two subspecies *indica*, grown in LLE, and tropical *japonica*, grown in ULE, have been described with morpho-physiological characters (Jacquot and Arneaud, 1979), enzymatic characters (Glaszmann, 1987) and molecular markers (Garris et al., 2005; Second and Zy, 1992). Regarding *O. glaberrima*, several authors (Bezançon, 1995; Portères, 1956; Second, 1985) reported on a "floating" ecotype cultivated in flooded ecosystems and an "upright" ecotype cultivated in ULE. Semon et al. (2004), using SSR markers, identified five groups, two of which were close to the two *O. sativa* subspecies *indica* and *japonica* and three reflected an eco-geographical adaptation. Our results refined the morpho-physiological description of the "floating" and "upright" ecotypes and highlighted high diversity for growth duration in the "upright" ecotype.

Our results also revealed the existence of two original subsets, one (E5) intermediate between the two *O. sativa* subspecies *indica* and *japonica*, and the other (E4) intermediate between the two species *O. sativa* and *O. glaberrima*.

The E5 subset consisted mainly of accessions under the name Djou Kémé or a synonym. Its intermediate position between *indica* and *japonica* suggests that outcrossing could have occurred between the two subspecies since they have a long history of cohabitation in Maritime Guinea. However, it is known that the Djou Kémé variety was introduced in Maritime Guinea in the mid-1980s and disseminated within the framework of a development operation. Moreover, there is no mention of this name in the records of surveys undertaken in Maritime Guinea in the early 1960s (Portères, 1966). The most credible hypothesis to explain the intermediate position of E5 would be that it belongs to a diversity compartment of the *indica* subspecies that is not very well represented in Guinea. The *indica* subspecies has very broad genetic diversity (Glaszmann, 1987). Some discontinuity was noted between the different compartments of this subspecies since all of this diversity is not present in Guinea. The E4 subset only differed from *O. glaberrima* genotypically. The CAp did not make a distinction between the E1 and E4 subsets identified by the CAg. At collection time in the field, five of the six E4 accessions were classified as *glaberrima* and one was assigned to *sativa*. This classification was confirmed by the results of a new assessment of the panicle architecture in these accessions, grown in glasshouse. This suggests that the genotypic differentiation of the E4 *glaberrima* accessions could be explained—as for the E5 subset—by the fact that they belong to an *O. glaberrima* diversity compartment that is not very well represented in Maritime Guinea. The facts that a single allele is predominant at 8 of the 11 loci studied (cf., Table IV- 3) and that varieties belonging to E4 are mainly present in the southern part of the region suggest that these forms have evolved from the same initial introduction.

The *sativa* variety Messemesse, which was classified in the E4 subset, was a different case. This variety bears at three loci an allelic association specific to *O. glaberrima*, but it mainly

has a *sativa japonica* genetic base as well as a *sativa*-type panicle with secondary branching. This suggests that it may be the result of interspecific *sativa* x *glaberrima* hybridisation. It is known that F1 plants generated via such crosses are completely sterile, but also that the backcrossed plants are sometimes highly fertile (Bougerol and Pham, 1989). The use of inter-specific *sativa* x *glaberrima* hybridisation by Jones *et al.* (1997) in an upland rice breeding program and by Ghesquière *et al.* (1997) for the creation of chromosome segment substitution lines is a proof of the occurrence of fertile progeny. F1 sterility, which is not absolute in the female gametes, is therefore not an impassable barrier to recombination between these two species. This has very likely taken place in Maritime Guinea, especially since the two species are often cropped by farmers in neighbouring fields, and some farmers even intercrop the two species in the same upland rice field.

Many authors have reported on the likely presence of natural hybrids between these two rice species (Bezançon, 1994; Pham, 1992; Second, 1985). However, to our knowledge, there is no firm evidence of the existence of intermediates between these two cropped species. Semon *et al.* (2004), in a study of 198 *O. glaberrima* varieties, observed that many African rice varieties are an admixture between *O. glaberrima* and *O. sativa*. They suggested that introgression of *O. sativa* into *O. glaberrima* seems to have created intermediates that cannot be readily distinguished on the basis of phenotypic characters. The Messemesse variety that we found in Maritime Guinea would thus be the first confirmed case of interspecific recombination with introgression of *O. glaberrima* into *O. sativa*.

In conclusion, the diversity and the overlap of rice-growing ecosystems, as well as the presence of the two cultivated rice species, make Maritime Guinea an important reservoir of rice genetic diversity. Given its extent, its original compartment, and its potential for inter-specific and inter-subspecific *indica* x *japonica* recombinations, this genetic diversity deserves special attention to be preserved.

## Acknowledgments

This work was funded by the French Ministry of Foreign Affairs and by the Centre de Coopération en Recherche Agronomique pour le Développement provided funding for this research.

## References

- Beavogui, L., A. Diallo & M. Dillo, 2000. Affinage du zonage agro-écologique de la Guinée maritime. IRAG, Conakry.
- Belkhir K., P. Borsa, L. Chikhi, N. Raufaste & F. Bonhomme, 2001. GENETIX 4.02, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations, Laboratoire Génome, Populations, Interactions; CNRS UMR 5000; Université Montpellier II, Montpellier (France).
- Bezançon, G., 1994. Le riz cultivé d'origine africaine *Oryza glaberrima* Steud. et les formes sauvages et adventices apparentées : diversité, relations génétiques et domestication, Université de Paris-Sud (Centre d'Orsay), Paris-Sud.
- Bezançon, G., 1995. Riziculture traditionnelle en Afrique de l'Ouest : valorisation et conservation des ressources génétiques. *Journal d'Agriculture Traditionnelle et de Botanique Appliquée* 37:3-24.
- Bougerol, B. & J. Pham, 1989. Influence of the *Oryza sativa* genotype on the fertility and quantitative traits of hybrids between the two cultivated rice species *O. sativa* and *O. glaberrima*. *Genome* 32:810-815.
- Garris, A., T. Tai, J. Coburn, S. Kresovich & S. McCouch, 2005. Genetic structure and diversity in *Oryza sativa* L. *Genetics* 169:1631-1638.
- (ed.) 1983. *Electrophorèse et taxonomie*, Paris. Société Zoologique de France.
- Ghesquière, A. & G. Second, 1983. Polymorphisme enzymatique et évolution d'*Oryza sativa* en Afrique. In *Colloque Electrophorèse et taxonomie*. Société Zoologique de France. p. 83 - 90.
- Ghesquière, A., J. Sequier, G. Second & M. Lorieux, 1997. First steps towards a rational use of African rice, *Oryza glaberrima*, in rice breeding through a 'contig line' concept. *Euphytica* 96:31-39.
- Glaszmann, J., 1987. Isozymes and classification of Asian rice varieties. *Theor. Appl. Genet* 74:21-30.
- Godon, P., 1991. *Histoire du riz en Guinée : les variétés*. Cirad Presse. CIRAD, Montpellier, France.
- Jacquot, M. & M. Arneaud, 1979. Classification numérique de variétés de riz. *Agronomie tropicale* 34:157-173.
- Jones, MP., M. Dinkuhn, GK. Aluko & M. Semon, 1997. Interspecific *Oryza sativa* L X *O. glaberrima* Steud. Progenies in upland rice improvement. *Euphytica* 92: 237-246.
- Luce, C., JL. Noyer, D. Tharreau, N. Ahmadi & H. Feyt, 2001. The use of microsatellite markers to examine the diversity of the genetic resources of rice (*Oryza sativa*) adapted to european conditions. *Acta Hort* 546:221-235.
- Perrier, X., A. Flori & F. Bonnot, 2003. Data analysis methods., p. 43-76, In P. Hamon, et al., eds. *Genetic diversity of cultivated tropical plants*. Enfield, Science Publishers, Montpellier.
- Pham, J., 1992. Evaluation des ressources génétiques des riz cultivés en Afrique par hybridation intra- et interspécifique, Université de Paris XI - Orsay., Paris.
- Portères, R., 1950. Vieilles agricultures de l'Afrique tropicale: centre d'origine, de diversification variétale primaire et berceau de l'agriculture antérieure au XVIème siècle. *Agronomie tropicale* 44:165-178.
- Portères, R., 1955. Historique des échantillons d'*O. glaberrima* Stude recueillis en Afrique. *JATBA TII*, N° 10-11, Oct-Nov.:535-537.
- Portères, R., 1956. Taxonomie agrobotanique des riz cultivés *O. sativa* Linné et *O. glaberrima* Steudel. *Journal d'Agriculture Tropical et de Botanique Appliquées* 4.
- Portères, R., 1966. Les noms des riz en Guinée. *JATBA* 13.

- Risterucci, A.M., L. Grivet, J.A.L. N'Goran, I. Pieretti, M.H. Flament & C. Lanaud, 2000. A high-density linkage map of *Theobroma cacao* L. *Theor Appl Genet* 101:1176-1182.
- Saitou, N. & M. Nei, 1987. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology Evolution* 4:406-425.
- Second, G., 1985. Relations évolutives chez le genre *Oryza* et processus de domestication, ORSTOM, PARIS.
- Second, G. & W. Zy, 1992. Mitochondrial DNA RFLP in genus *Oryza* and cultivated rice. *Genetic Resources and Crop Evolution* 39:125-140.
- Semon, M., R. Nielsen, P. Jones & S. McCouch, 2004. The population structure of cultivated *Oryza glaberrima* (Steud): Evidence for elevated levels of LD caused by admixture with *O. sativa* and ecological adaptation. *Genetics* 169:639-1647.

**CHAPITRE V :**

**ECOGEOGRAPHICAL DISTRIBUTION OF RICE (*O. SATIVA* & *O. GLABERRIMA*) GENETIC DIVERSITY IN MARITIME GUINEA BASED ON MOLECULAR MARKERS. IMPLICATIONS FOR *IN SITU* GENETIC RESOURCE CONSERVATION**



## CHAPITRE V : IMPLICATIONS FOR *IN SITU* GENETIC RESOURCE CONSERVATION FROM THE ECOGEOGRAPHICAL DISTRIBUTION OF RICE GENETIC DIVERSITY IN MARITIME GUINEA

Barry MB<sup>1</sup>, Pham JL<sup>2</sup>, Noyer JL<sup>3</sup>, Courtois B<sup>3</sup>, Billot C<sup>3</sup>, Ahmadi N<sup>4</sup>

1 : Institut de Recherche Agronomique de Guinée, PB 1523, Conakry, Guinée.

2 : UMR DGPC/ IRD, Av Agropolis, 34398 Montpellier Cedex 5, France.

3 : UMR PIA, CIRAD, Av Agropolis, 34398 Montpellier Cedex 5, France.

4 : UR Peuplements de riz, CIRAD, TA70/03, Av Agropolis, 34398 Montpellier Cedex 5, France.

(✉): [ahmadi@cirad.fr](mailto:ahmadi@cirad.fr)

Cet article est accepté dans le journal " Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization ".

### Abstract

Genetic resource conservation is widely acknowledged as important. The implementation of conservation requires an insight into the distribution of genetic diversity at the scale of small regions or villages. We present an analysis of rice diversity at such a scale, in a region where traditional farming still prevails. Regional allelic diversity was comparable to that noted worldwide for Asian rice (*Oryza sativa*), but not as high for African rice (*O. glaberrima*). Each village pooled more than half of the regional allelic diversity. Genetic differentiation between varieties from the same village accounted for 70% of the regional variation. The differentiation associated with lowland and upland rice-growing ecosystems was 23%, while that associated with differences between villages within the same ecosystem was 7%. In the upland ecosystem, geographical distance had a significant effect on the  $F_{ST}$  between pairs of villages. In the lowland ecosystem, differences in soil salinity between villages affected  $F_{ST}$ . Genetic diversity within a single village may have up to three components: an ancient *glaberrima* component shared with neighbouring or ethnically-related villages; a relatively ancient *sativa* component which was hardly or no longer shared with other villages due to local differentiation; and a recently introduced *sativa* component shared with other villages. Genetic resource conservation could be achieved, in terms of allelic diversity, through stratified sampling according to described genetic differentiation factors, whereas current farming systems must be preserved to ensure conservation of the diversity of allelic associations.

**Keywords:** Rice, *in situ* conservation, Diversity partition, Guinea.

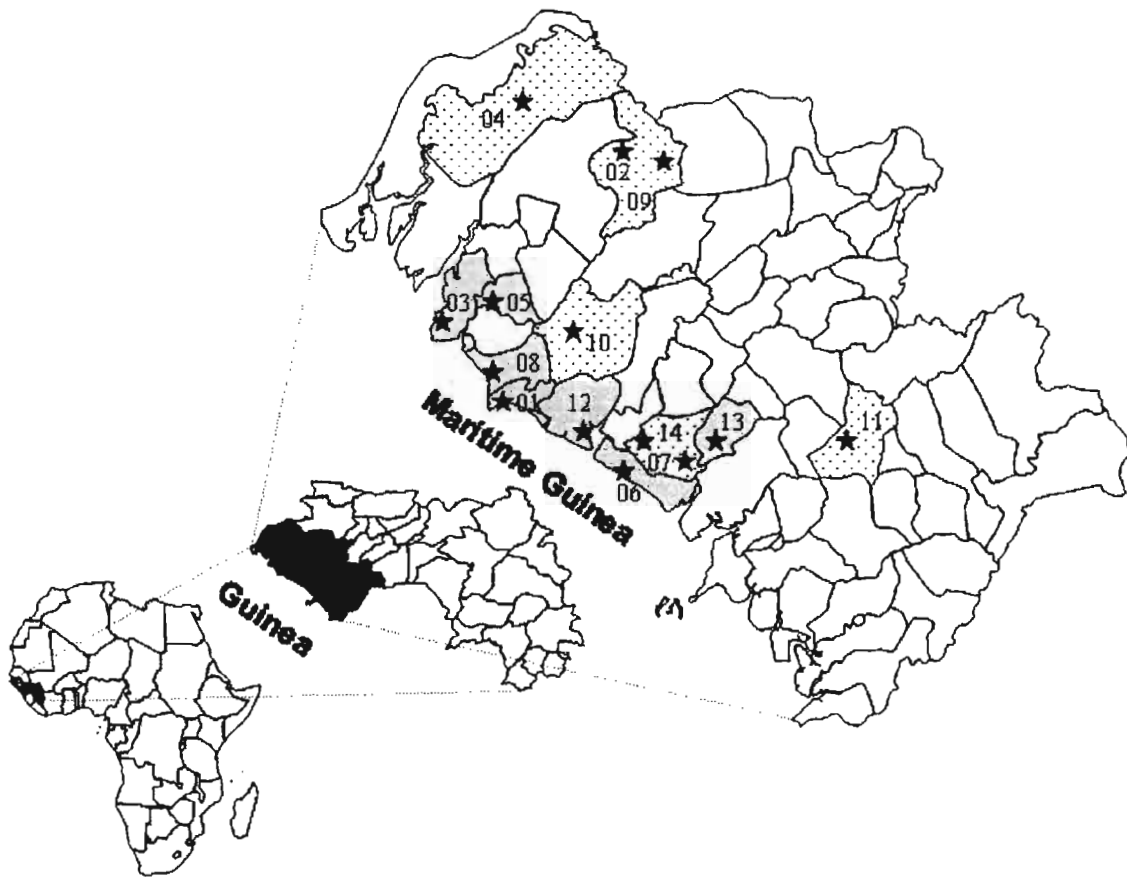
## Introduction

Awareness of the importance of the genetic diversity of crop plants has been increasing since the early 1970s, which has prompted much investment in gene bank development and maintenance (Hawkes 1983). More recently, the concept of on-farm *in situ* conservation has emerged (Altieri and Merrick 1987; Maxted *et al.* 1997), involving permanent cropping and management of crop populations within the environment where the species has evolved (Bellon *et al.* 1997). It is now widely recognised that these two approaches are complementary and should be jointly included in conservation strategies (Brush 1999; IPGRI 1993; Olfield and Alcorn 1987; Wood and Lenné 1999). However, efficient *in situ* conservation methods have yet to be developed (McKey *et al.* 2001).

As *in situ* conservation requires active farmer participation, much recent research has focused on factors which influence farmers' decision making (Cox and Wood 1999). Jarvis and Hodgkin (2000) identified five aspects of farmers' decision making that have a direct impact on crop diversity, including: (i) preferred agromorphological traits; (ii) cropping systems practiced; (iii) plot characteristics; (iv) crop population size; and (v) varietal origins. Since farmers maintain crop genetic diversity according to supply-demand imperatives, Bellon (2003) proposed that *in situ* conservation support should be designed to influence diversity supply and demand. Demand-oriented interventions should enhance the value of the diversity for farmers or reduce on-farm diversity maintenance costs, while supply-oriented interventions should promote access to the diversity.

Another key point in developing a methodology for *in situ* conservation is the gain of insight into the extent and spatial distribution of the genetic diversity to be preserved and current extinction risks. This insight is essential for choosing genetic entities to be preserved, deciding on the scale of potential conservation support operations, as well as for selecting eco-geographical units and social organisation (farm, village, village group, agricultural region, etc.). Early ecological theories regarding local or complete extinction risks were based on wild populations, and focus mainly on population size (Caughley 1994; Pimm *et al.* 1988), frequency (Hanski and MGYllenberg 1993) and distribution (Lawton 1994). These cannot be applied directly to explain trends in local varieties of crop species preserved by farmers in traditional agrosystems, but may still be useful as a guide to develop an *in situ* strategy for the conservation of crop genetic resources.

*In situ* conservation of rice particularly is pressing in Africa, where the replacement of traditional varieties with modern high-yielding varieties is less advanced than in Asia. An *in situ* conservation strategy is now urgent, since the co-cultivation of indigenous *Oryza glaberrima* with Asian *O. sativa* has likely given rise to a unique genetic diversity. This diversity has been described both on a continental and on a subregional scale (Bezançon 1995; Ghesquière and Second 1983; Kochko 1987; Second 1982), and some conclusions have been reached concerning the centres of diversification of *O. glaberrima*, the introduction and secondary diversification of *O. sativa*, the extent of diversity of these two cultivated species in relative terms, and the existence of reproductive barriers. However, little effort has been made to analyse this diversity and its distribution on an operational scale for the purposes of *in situ* conservation, i.e. agricultural region, village, farms and farmers' fields. The aim of this study was therefore to: (i) document the spatial distribution of rice genetic diversity at the grass-root scales (village and small agricultural region) based on molecular marker genotyping; (ii) identify the most effective strategy for the conservation of the genetic diversity; and (iii) contribute to the development of a rice genetic resource conservation strategy in a region of Guinea, where the two rice cultivated species occur together, by identifying the most vulnerable genetic entities and basic eco-geographical units that should ultimately be the focus of conservation support operations.



**Figure V-1:** Eco-geographical distribution of the 14 research villages in Maritime Guinea. The V01 (Douprou), V03 (Kaboguessy), V05 (Katako), V06 (Katep) V08 (Kifinda) and V13 (Wassou) villages are in lowland ecosystem; The V02 (Hlafou), V04 (Kantch), V07 (Kenende), V09 (Lafoub), V10 (Mokefot), V11 (Saraya), V12 (Thia) and V14 (Yenya) villages are situated in upland ecosystem.

**Table V-1:** Main characteristics of the 14 research villages

Villages N° Name	Nb of inhabi tants	Nb of farms	Main group	ethnic	Eco- system	Land use intensity	Main crops	Rice cropping system	Rice varieties collected		Other activities	Presence of extension services	Access market
									<i>O.S</i>	<i>O.G</i>			
01 Douprou	1300	56	Bagas, Sossous		LLE	Low	Rice, cassava, sweet. potatoes, coconut	DM	15	0	Fishing, salt extraction	***	***
02 Horé Lafou	380	36	Peulhs		ULE	Low	Rice, peanut, cassava,	RUL	15	4	Cattle, palm oil	*	**
03 Kaboguessy	650	61	Nalous, Sossous, Bagas		LLE	Medium	Rice, fonio, cassava, peanut, s. potatoes	DM, FWLL	15	1	Cattle, palm oil	***	***
04 Kantchrott	350	40	Landouma		ULE	Very high	Peanut, rice, fonio	RUL	18	2	Sheep	*	*
05 Katako	2 000	358	Bagas, Soussous		LLE	Low	Rice, cassava, s. potatoes, fonio	DM, FWLL	32	2	Fishing, sheep	***	***
06 Katep	361	45	Soussous, Bagas		LLE	Low	Rice peanut, fonio, cassava	DM	12	0	Fishing, Sheep	**	***
07 Kenende	380	41	Soussous		ULE	High	Rice, fonio, peanut	RUL	4	3	Sheep	*	***
08 Kifinda	1 600	193	Bagas		LLE	Medium	Rice, cassava, s. potatoes	DM, UDM, FWLL	13	0	Sheep	**	**
09 Lafou Baila	120	15	Peulhs		ULE	Low	Rice, peanut	RUL	6	1	Sheep, palm oil	*	**
10 Mokefoton	520	20	Soussous		ULE	High	Rice, peanut, maize, fonio	RUL	7	6	Sheep	**	*
11 Saraya	650	60	Soussous		ULE	Medium	Rice, fonio, peanut, cassava, taro	RUL	7	3	Fishing, sheep	**	*
12 Thia	520	45	Soussous		ULE	High	Rice, fonio, peanut, cassava	RUL	2	2	Sheep	*	**
13 Wassou	650	45	Soussous		LLE	Medium	Rice, cassava, s. potatoes	UDM	16	0	Sheep	*	***
14 Yenya	800	50	Soussous		ULE	High	Rice, fonio, peanut	RUL	3	3	Sheep	*	***

LLE: Lowland ecosystem; ULE: Upland ecosystem; RUL: Rainfed upland rice in slash and burn system; DM: Diked mangrove rice; UDM: Undiked mangrove rice; FWLL: Fresh water lowland; *O. S*: *Oryza sativa*; *O.G*: *Oryza. glaberrima*; \*\*\*: good / high quality, \*\*: medium ;\*: bad .  
Rice is transplanted in DM, UM and FWLL cropping system; Rice is direct sown in RUL cropping system

# 1. Material and methods

## 1.1. Plant collection

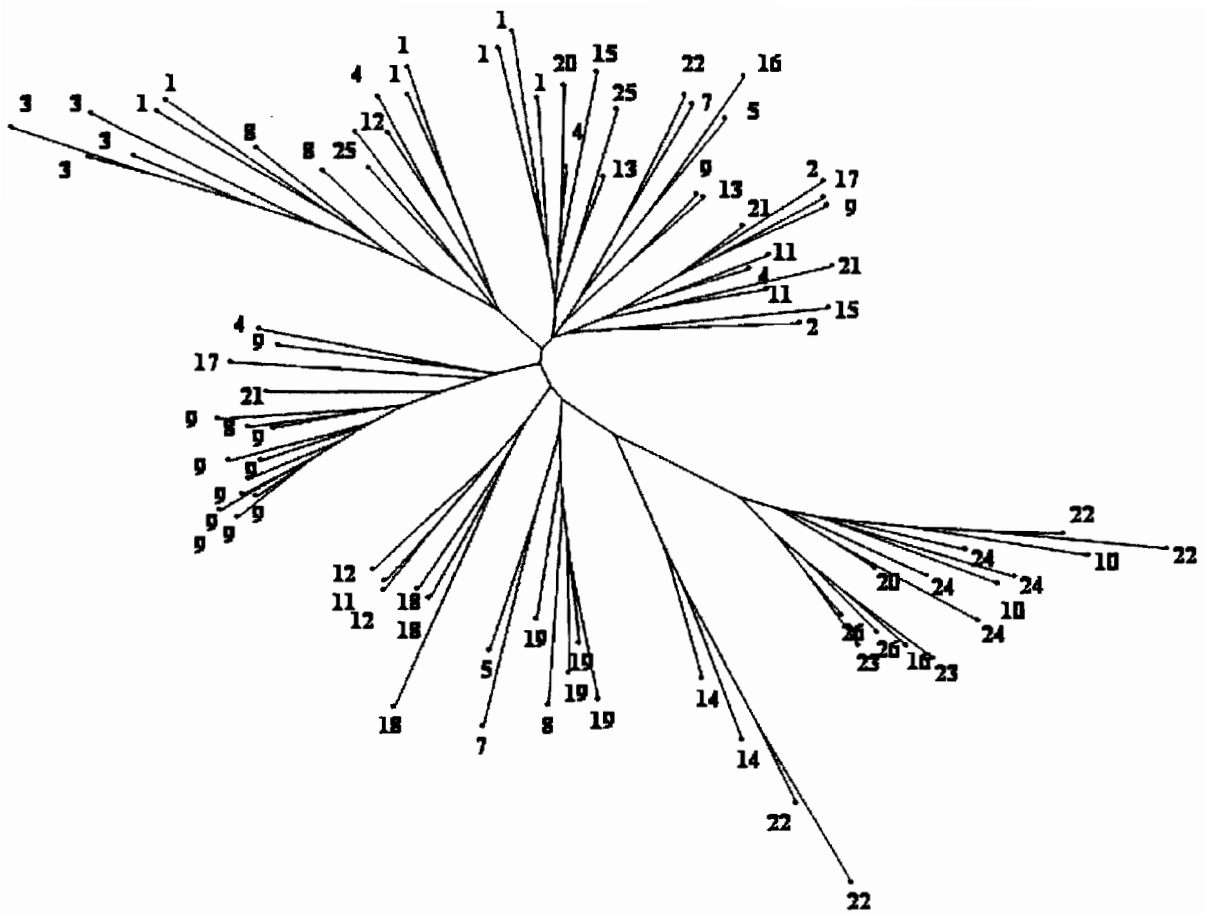
The plant material was collected as part of a broader study involving an analysis of farmers' management of rice varieties and seeds in Maritime Guinea, on a regional, village and farm scale. Fourteen villages (Figure V- 1) were chosen to account for the agro-ecological diversity in the region on the basis of current agro-ecological zoning data (Beavogui *et al.* 2000). The distance between villages was between 5 and 280 km. In each village, a public survey was conducted on the history of rice growing over the previous 20 years, rice cropping practices used (cropping in flooded mangrove ecosystems, freshwater plains or upland ecosystems), and rice varieties and seed management practices. An inventory was carried out to list the names of rice varieties cultivated in the village and to note the main ecosystem in which each variety was cropped (Table V- 1). Finally, for each variety, a seed sample was collected in the field in the presence of a group of farmers who identified the variety by consensus agreement. The "consensus sample" was formed from 15 panicles, each from a different plant belonging to the predominant phenotype growing in the same field. Classification into *O. glaberrima* or *O. sativa* was effected on the basis of the degree of panicle ramification. In all, 170 accessions were collected, of which 144 were *O. sativa* and 26 *O. glaberrima*; 94 were collected in a lowland ecosystem (LLE) and 77 in an upland ecosystem (ULE).

## 1.2. Genotyping

Eleven genetically unlinked simple sequence repeats (SSR) loci were chosen on the basis of their informativeness (Luce *et al.* 2001). The DNA representing each accession was extracted (using the method of Risterucci *et al.* (2000)) from young leaves taken from four seedlings, each derived from an independent panicle. PCR was conducted following Risterucci *et al.* (2000) and the products separated in duplex in 7 or 8% polyacrylamide gels on a LiCor IR<sup>2</sup> DNA sequencer. Allele sizes were determined using the SAGA (version 3.2) software package, which encodes genes in base pairs using size markers every eight wells on each gel.

## 1.3. Data analysis

Genotypic data were assessed to detect duplicates (i.e. accessions with different names but the same genotype), but no case of complete identity was found. Genetic diversity was estimated on the basis of allele number ( $N_a$ ), allele frequency, heterozygosity rate ( $H_o$ ) and polymorphism information content (PIC) using Power Marker version 3.20 (Liu and Muse 2001-2004). Genetic distances between accessions was calculated using the Dice similarity index (Saitou and Nei 1987), and accessions were grouped using the neighbour-joining (NJ) method with DARWIN version 5.0 (Perrier *et al.* 2003). The hierarchical distribution of the molecular variance between the three sampling levels, i.e. ecosystem, village and accession, was analysed by AMOVA (Excoffier *et al.* 1992) with Arlequin version 2.0 (Schneider *et al.* 2000). Genetic differentiation between pairs of villages was evaluated by the  $F_{ST}$  statistic (Wright 1978) calculated using Arlequin version 2.0.  $F_{ST}$  estimation was based on the between-group variance in allele frequency, which represented the genetic distance.  $F_{ST}$  significance was assessed with 1023 permutations. A Mantel test was performed using GENPOP 3.4 software to compare genetic distance (evaluated by  $F_{ST}$ ) correlation matrix and geographical distance correlation matrix in order to determine whether genetic isolation had occurred according to the geographic distance between the different villages.



**Figure V-2:** Relative closeness of homonym accessions on the neighbour-joining tree based on the Dice similarity index calculated for 81 accessions and 11 SSR loci. Accessions identified with the same number are homonyms; for instance, number 9 identifies accession with Djoukeme name; number 8 identifies accessions with Caroline name.

**Table V-2:** Genotypic consistency of varieties names evaluated by comparison of allelic identity at 11 SSR loci

Consistency level	umber of pair of accessions	
	<i>O. sativa</i>	<i>O. glaberrima</i>
High > 90%	7	2
Intermediate 70-90%	17	5
Low < 70%	11	0
Total	35	7

## 2. Results

### 2.1. Consistency of name of accessions

One hundred thirteen names were recorded for the 170 accessions, of which 81 shared 23 names. There were 13 homonyms for 2 accessions, 8 for 3 accessions, 5 for 4 accessions, 2 for 6 accessions and 1 for 11 accessions. This homonymy begs the question of genotypic identity, which was tested by assessing closeness of homonyms on the NJ tree (Figure V- 2). There were marked variations in the consistency levels for the different names. For some, many accessions were clustered on the same branch of the tree, whereas for others, the accessions were dispersed. For 10 of the 23 names, homonym accessions were closely located to one another, without any complete overlap. These names were considered as consistent. For instance, accessions named Djou Kémé (number 9 on Figure V- 2), were tightly clustered. Accessions with seven other names were highly dispersed, making these names inconsistent – for example Caroline (number 8 on Figure V- 2).

Direct comparison of the allelic identity between pairs of accessions with the same name (Table V- 2) revealed perfect consistency in only 9 cases out of the 42. For *O. sativa*, 7 out of 18 names were consistent, including 4 traditional (Djou Kémé, Tagna, Mafoudi and Moromi) and 3 improved (Rok5, B38D2 and Kablack) varieties. Djou Kémé and its synonyms identified very similar genetic entities in 11 of the 14 villages. In contrast, 3 names out of 18 had a very low level of consistency, e.g., Missi Missi, Caroline and Kinsampéna. The first two are generic names designating small- and long-grain varieties, respectively. The consistency level in *O. glaberrima* was high (four names out of five consistent).

**Table V-3: Diversity at 11 SSR loci**

Marker	Total (N=170)			<i>O. sativa</i>		<i>O. glaberrima</i>	
	Na	PIC	Ho	Na	PIC	Na	PIC
RM001	13	0.86	0.07	13	0.83	2	0.36
RM007	11	0.83	0.04	10	0.79	6	0.40
RM11	11	0.85	0.04	11	0.81	4	0.50
RM021	13	0.84	0.11	13	0.86	6	0.48
RM122	9	0.75	0.01	8	0.69	3	0.29
RM164	15	0.88	0.05	15	0.88	3	0.54
RM168	12	0.73	0.04	12	0.67	3	0.35
RM222	12	0.81	0.04	11	0.79	3	0.20
RM224	13	0.85	0.16	13	0.83	6	0.74
RM229	9	0.79	0.04	9	0.77	4	0.40
RM332	11	0.68	0.14	7	0.57	7	0.68
<b>Total</b>	<b>129</b>			<b>122</b>		<b>47</b>	
<b>Mean</b>	<b>12</b>	<b>0.81</b>	<b>0.07</b>	<b>11</b>	<b>0.77</b>	<b>4</b>	<b>0.45</b>

N: Number of accessions; Na: mean number of alleles per locus; Ho: mean heterozygosity rate per locus; PIC: Polymorphism Information Content

**Tableau V-4: Number of alleles per locus at the village level**

Villages	Ecosys tem	N	Number of allele		
			Total	Na	STD
Douprou	LLE	15	50	4.6	2.2
Horé Lafou	ULE	19	67	6.1	2.0
Kaboguessy	LLE	16	58	5.3	1.3
Kantchrott	ULE	20	62	5.6	1.4
Katako	LLE	34	108	6.7	1.6
Katép	LLE	12	63	4.6	2.3
Kenende	ULE	7	49	4.5	1.4
Kifinda	LLE	13	58	5.3	2.0
Lafou Baila	ULE	7	44	4.0	1.1
Mokefoton	ULE	13	55	5.0	1.6
Saraya	ULE	10	49	4.5	1.4
Thia	ULE	4	29	2.6	0.5
Wassou	LLE	16	58	5.3	2.0
Yenya	ULE	6	33	3.0	0.8
Mean		13.7	55.9	4.8	1.6

N: Number of accessions; Na: mean number of alleles per locus;  
LLE: Lowland ecosystem; ULE: Upland ecosystem;

## 2.2. Genetic diversity

The number of varieties per village varied from 4 to 34 (mean 13.7), according to the village size. A total of 128 SSR alleles (mean of 12 alleles per locus, with a range of 9 to 15) was detected (Table V- 3). Mean PIC per locus was 0.81 (range 0.68-0.88), and the heterozygosity rate ranged from 1 to 16% (mean 7%), although these estimates conflate heterozygosity with intra-accession variability due to the use of pooled template. The mean number of alleles per locus was 11 for *O. sativa* and 4 for *O. glaberrima*. Loci RM164 and RM1 were among the most polymorphic in *O. sativa* but the least so in *O. glaberrima*. Conversely, RM332 and RM7 were highly polymorphic in *O. glaberrima* but less so in *O. sativa*.

The mean number of alleles per locus (Na) and per village ranged from 2.6 to 6.7 (Table V- 4) and represented almost half of the mean Na recorded for the region, indicating that each village pooled a relatively high share of the regional allelic diversity. A positive correlation ( $r = 0.906$ ) was noted between the number of varieties per village and the allelic diversity, indicating that accessions collected in each village corresponded fully to different genetic entities, thereby confirming the validity of the methods used to inventory and sample rice varieties in each village.



**Table V-5: Summary of analysis of molecular variance AMOVA results**

Source of variation	DF	Variance*	% variance
Among ecosystems	1	11.5	23
Among villages within ecosystems	12	3.3	7
Among accession Within villages	326	35.8	70
Total	339	50.6	

DF: Degrees of freedom; P: Probability; \*:  $p < 0.001$ .

**Tableau V-6: Genetic differentiation ( $F_{ST}$ ) among pair of villages**

Villages	Eco-system	(01)	(02)	(03)	(04)	(05)	(06)	(07)	(08)	(09)	(10)	(11)	(12)	(13)	(14)
Douprou (01)	LLE	0													
Hlafou (02)	ULE	0.23 d	0												
Kaboguessy (03)	LLE	0.12 d	0.16 d	0											
Kantch (04)	ULE	0.23 d	0.04 a	0.19 d	0										
Katako (05)	LLE	0.07 d	0.17 d	0.02 a	0.18 d	0									
Katep (06)	LLE	0.13 d	0.21 d	0.06 a	0.22 d	0.09 d	0								
Kenende (07)	ULE	0.25 d	0.08 a	0.17 d	0.08 a	0.16 d	0.23 d	0							
Kifinda (08)	LLE	0.12 d	0.16 d	0.05 a	0.19 d	0.06 b	0.11 d	0.20 d	0						
Lafoub (09)	ULE	0.27 d	0.01 a	0.19 d	0.03 a	0.20 d	0.25 d	0.06 a	0.21 d	0					
Mokefot (10)	ULE	0.23 d	0.07 a	0.17 d	0.07 a	0.16 d	0.22 d	0.04 a	0.18 d	0.07 a	0				
Saraya (11)	ULE	0.18 d	0.09 a	0.12 b	0.13 b	0.11 d	0.15 d	0.06 a	0.14 d	0.13 a	0.07 a	0			
Thia (12)	ULE	0.28 d	0.20 b	0.21 d	0.19 b	0.20 c	0.21 d	0.10 a	0.22 d	0.22 c	0.13 a	0.08 a	0		
Wassou (13)	LLE	0.15 d	0.19 d	0.10 a	0.20 d	0.10 d	0.08 a	0.17 d	0.14 d	0.22 d	0.19 d	0.13 c	0.21 d	0	
Yenya (14)	ULE	0.28 d	0.16 b	0.21 d	0.17 c	0.19 d	0.27 d	0.05 d	0.22 d	0.15 a	0.06 a	0.04 a	0.14 a	0.23 d	0

LLE: Lowland ecosystem; ULE: Upland ecosystem; Significance of  $F_{ST}$  was tested with 1100 permutations. a:  $P > 0.05$ ; \* b  $< 0.05$ ; c:  $P < 0.01$ ; d:  $P < 0.001$ \*\*\*

**Table V-7: Value and significance of  $F_{ST}$  per pair of villages, according to there ecosystem of origin.**

Ecosystem	Number of pair of villages	$F_{ST}$ Value (% of pair of villages)				$F_{ST}$ Significance (% of pair of villages)			
		> 0.2	> 0.15	> 0.10	> 0.05	d	c	b	A
Lowland	15	0	0	47	53	67	0	13	20
Upland	28	7	7	21	64	0	11	11	78
Lowland / Upland	48	48	44	8	0	96	2	2	0

Significance of  $F_{ST}$  was tested with 1100 permutations. a:  $P > 0.05$ ; \* b  $< 0.05$ ; c:  $P < 0.01$ ; d:  $P < 0.001$ \*\*\*

### **2.3. Ecogeographical structure of genetic diversity**

An hierarchical analysis of the molecular variance showed highly significant genetic differentiation at the three sampling levels (Table V- 5). The molecular variation distribution was, however, very uneven. The differentiation between accessions from the same village represented 70% of the total variation. Of the total genetic diversity, 23% was due to differentiation between the two ecosystems, LLE and ULE. The smallest share of the molecular variance (7%) was associated with differences between villages within the same ecosystem.

The  $F_{ST}$  values per pair of villages (Table V- 5) showed that genetic differentiation between villages was low, especially when the villages were located in the same ecosystem. In LLE, the  $F_{ST}$  per pair of villages was significant in 12 cases out of 15 (Table V- 6). However, the correlation between the  $F_{ST}$  and the geographical distance between the pair of villages was not significant. The genetic differentiation between villages therefore was not related to the geographical distance but rather to the rice-growing conditions (freshwater plain, open or embanked mangroves) and to the number of varieties per village (Table V- 7). In ULE, only 6 pairs of villages out of 28 had significant  $F_{ST}$  values.  $F_{ST}$  values between pairs of villages located in two different ecosystems were all significant. The ULE village Saraya had the lowest  $F_{ST}$  when paired with villages located in LLE (Table V- 6). Such a low genetic differentiation could likely be explained by the fact that three accessions collected in this village were from an ULE, although genotypically they seemd to belong to an *indica* subset.

## **3. Discussion**

### **3.1. Importance of rice genetic diversity**

The surface area of Maritime Guinea is relatively small but the genetic and allelic diversity present is comparable to that in much larger geographical areas. The mean number of alleles per locus was 10 for *indica* and 8 for *japonica sativa* accessions from Maritime Guinea, but only 7.3 and 6.1, respectively, for 234 *indica* and tropical *japonica* entries representative of the genetic diversity of rice worldwide (Garris *et al.* 2005). This greater number of alleles per locus may reflect our choice of SSR loci on the basis of their high PIC level. However, in a population of over 400 Mediterranean varieties, Luce *et al.* (2001) detected 9.5 alleles per locus across the same SSR loci. Thus the allelic diversity of Maritime Guinea rice cannot be solely explained by the choice of SSR loci. Instead, we suggest that it is a consequence of the co-existence of virtually all rice-growing ecosystems in this region.

For *O. glaberrima*, the mean number of alleles per locus among the 29 accessions was lower than that observed by Semon *et al.* (2004). Note however, that these authors analysed variation at 93 SSR loci across 198 accessions derived from all rice-growing ecosystems throughout Africa, whereas our *glaberrima* sample was mainly derived from upland ecosystems.

### **3.2. Varietal diversity managed by farmers**

In traditional cropping systems, a given genotype is commonly known by different names in different villages, so diversity with respect to names is an unreliable indicator of prevailing genetic diversity. We were unable to identify any accessions of the same genotype under different names, while accessions having the same name seldom had exactly the same genotype.

Consistency in varietal name is a good indicator of the performance of the rice identification systems developed by farmers. In Maritime Guinea, naming combines morphological traits

(seed format and colour, tillering capacity, leaf colour), with adaptation to different rice-growing ecosystems, e.g. mangrove, deep water, ground water and upland. Hence, the best name consistency was noted for varieties with marked morphological features.

The high consistency level noted in this study was in line with the survey data (data not shown), indicating that only 3% of the varieties had changed name when introduced in a new village.

Finally, variety name consistency is also a potential indicator of genetic drift which may occur when varieties are disseminated between villages. The inter-village genotypic consistency in variety names generally ranged from 70 to 90%. Dissemination of rice varieties between villages thus likely results in modifications in their genetic structure. However, these modifications could not be considered as full-fledged genetic drift, but rather as a succession of foundation effects.

The ratio between the number of accession names and the total number of accessions is a key indicator of the spatial partitioning of genetic diversity. In Maritime Guinea, this ratio was 66%, indicating that the diversity was largely partitioned between villages. Less than 20% of the accessions occurred in two to three villages and only 15% of the remainder were present in more than three of the villages studied. Each village therefore contained a high proportion of unique genetic diversity.

The non-unique proportion of genetic diversity in the villages could be explained by either the recent introduction of new *sativa* varieties, and/or to the attachment of most *glaberrima* varieties to a particular ethnic group, geographical area or a combination of these parameters. The traditional variety Djou Kémé, and the modern varieties Rok5, War73 and War77 clearly falls in the first category. In contrast, the *glaberrima* varieties have long been cropped in the region; the names of those cropped in LLE have the prefix "*Baga malé*"; those cropped in ULE have the prefix *Samanden* and *Sagnakhi* in northern regions inhabited by the *Fulani* and *Landouma* ethnic groups, and *Sali* in southern regions inhabited by the *Soussous* and *Bagas* ethnic groups.

On a village scale, rice genetic diversity can be divided into as many as three components according to the duration of their presence in the village: a very old component shared with neighbouring or ethnically-related villages, composed mainly of *glaberrima* varieties; a rather ancient component of traditional *sativa* varieties that is no longer, or hardly at all shared with other villages on account of its differentiation induced by local agro-environmental factors; and a more recent component, composed of improved *sativa* varieties introduced recently in the village by the extension services; this last component has not yet undergone substantial differentiation and is thus shared with other villages in the region. The *sativa* components are composed of *indica* subspecies varieties in villages belonging to LLE and of *japonica* subspecies varieties in ULE villages.

### **3.3. Eco-geographical distribution of genetic diversity**

Diversity between accessions within the same village was the most important component of regional genetic diversity. This prevalence of the diversity between accessions of geographical or genetic subsets has also been reported in other contexts in cultivated rice (Yu *et al.* 2003; Garris *et al.* 2005), in populations of the wild African rice species *O. longistaminata* (Kiambi *et al.* 2005) and in sorghum (Nkongolo and Nsapato 2003). These data indicate that, to ensure efficient conservation of genetic diversity, each basic genetic and/or geographical subset must be carefully sampled. The low level of genetic differentiation recorded between villages within the same ecosystem was in line with the results of our survey of rice variety and seed management practices in this region (data not shown), which indicated intense exchanges of varieties between villages within the same ecosystem. In LLE, it was found that, more than the distance, it is the extent of exposure of rice crops to salinity

that determines the possibility of between-village exchanges and the resulting level of genetic differentiation.

Allele richness varied substantially among the 14 villages studied. The mean number of alleles per locus depended on the number of varieties cropped in the village ( $r = 0.909$ ) as well as on the status of rice in the cropping system. The number of varieties cropped depended on the number of inhabitants in the village ( $r = 0.56$ ). The cropping systems had an especially marked influence in the villages of *Yerya* and *Thia* which, despite being of medium size, i.e. 800 and 520 inhabitants (mean 700 inhabitants for the 14 villages), had the lowest mean number of alleles per locus. In these two villages, the status of rice in the cropping systems had sharply decreased during the last two decades. Due to decrease of soil fertility rice is replaced by groundnut and fonio.

In conclusion, the regional distribution of rice genetic diversity follows the diversity in rice-growing ecosystems, the social organization in villages and the extent of between-village exchanges. In terms of variety, thus of allelic combinations, each village pools a large proportion of unique genetic diversity. However, in terms of allele number, each village pools a large share of the regional diversity.

The village is clearly a basic geographical and social unit to be considered in initiatives aimed at preserving the genetic diversity of rice. However, other levels of differentiation should also be taken into consideration. The subdivision into two large ecosystems, i.e. lowland and upland, accounts for the *indica/japonica* differentiation and a large share of the *sativa/ glaberrima* differentiation. In each of these ecosystems, the diversity in soil constraints is also important. This level of differentiation needs to be taken into account since there can be marked temporal changes in this parameter. In LLE, the main change under way is the development of some plains to reduce the salinity constraint. This change should enhance rice genetic diversity because recently introduced higher-yielding modern varieties are only cropped in these developed areas. In ULE, the main changes under way concern loss of soil fertility, which is leading to a shift in cropping systems whereby rice is being replaced by hardier crops. This is a serious impediment to the conservation of the genetic diversity of rice. This situation is especially worrisome since Maritime Guinea is one of the only African regions where upland *glaberrima* varieties are still cropped on a large scale.

## Acknowledgments

The French Ministry of Foreign Affairs, the Centre de Coopération en Recherche Agronomique pour le Développement provided funding for this research.

## References

- Ahmadi N, Becquer T, Larroque C, Arnaud M (1988) Variabilité génétique du riz (*Oryza sativa*) à Madagascar. *Agronomie tropicale* **43**, 209-221.
- Altieri MA, Merrick LC (1987) In situ conservation of crop genetic resources maintenance of traditional farming systems. *Economic Botany* **41**, 86-96.
- Barry MB, Pham JL, Noyer JL, Courtois B, Ahmadi N (2006c) Genetic diversity of the two cultivated rice species (*O. sativa* & *O. glaberrima*) in Maritime Guinea. Evidence for interspecific recombination.. *Euphytica* Submitted.
- Beavogui L, Diallo A, Dillo M (2000) Affinage du zonage agro-écologique de la Guinée maritime. IRAG, Conakry.
- Bellon M (2003) Conceptualising interventions to support on-farm genetic resource conservation. *World Development* **32**, 159-172.
- Bellon MR, Pham JL, Jackson MT (1997) Genetic conservation: a role for rice farmers. In 'Plant conservation: the in situ approach'. (Eds N Maxted, BV Ford-Lloyd and JG Hawkes) pp. 263-289. (Chapman and Hall. IPGRI: London)
- Bezançon G (1995) Riziculture traditionnelle en Afrique de l'Ouest : valorisation et conservation des ressources génétiques. *Journal d'Agriculture Traditionnelle et de Botanique Appliquée* **37**, 3-24.
- Brush SB (1999) The issues of in situ conservation of crop genetic resources. In 'Genes in the field'. (Ed. S Brush) pp. 3-26. (International Plant Genetic Resources Institute & Lewis Publishers: Rome, Ottawa)
- Caughley G (1994) Directions in conservation biology. *Journal of Animal Ecology* **63**, 215-244.
- Cox T, Wood D (1999) The nature and role of crop biodiversity. In 'Agrobiodiversity: characterization, Utilization and Management.' (Ed. W Lenné) pp. 35-57. (CAB International: London)
- Excoffier L, Smouse P, Quattro J (1992) Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: Application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics* **131**, 479-491.
- Garris A, Tai T, Coburn J, Kresovich S, McCouch S (2005) Genetic structure and diversity in *Oryza sativa* L. *Genetics* **169**, 1631-1638.
- Ghesquière A, Second G (1983) Polymorphisme enzymatique et évolution d'*Oryza sativa* en Afrique. In 'Electrophorèse et taxonomie'. Paris pp. 83-90. (Société Zoologique de France)
- Glaszmann J (1987) Isozymes and classification of Asian rice varieties. *Theor. Appl. Genet* **74**, 21-30.
- Hanski I, MGYllenberg (1993) Two general metapopulation models and the core-satellite species hypothesis. *The American Naturalist* **142**, 17-41.
- Hawkes JR (1983) The diversity of crop plants. (Harvard University Press)
- IPGRI (1993) Diversity for development: the strategy of the international plant genetic Resources Institute. (International Plant Genetic Resources Institute: Rome)
- Jarvis D, Hodgkin T (2000) Farmer decision making and genetic diversity. In 'Genes in the Field: On-Farm Conservation of Crop Diversity'. (Ed. B SB) pp. 261-278. (IDRC/IPGRI: Roma)
- Kiambi D, Newbury H, Ford-Lloyd B, Dawson I (2005) Contrasting genetic diversity among *Oryza longistaminata* (A. Chev et Roehr) populations from different geographic origins using AFLP. *African Journal of Biotechnology* **4**, 308-317.

- Kochko AD (1987) Isozyme variability of traditional rice *Oryza sativa* (L.) in Africa. *Theor Appl Genet* **73**, 675-682.
- Lawton J (1994) What do species do in ecosystems? *Oikos* **71**, 367-374.
- Liu K, Muse S (2001-2004) PowerMarker: new genetic data analysis software. In. (<http://www.powermarker.net>)
- Luce C, Noyer JL, Tharreau D, Ahmadi N, Feyt H (2001) The use of microsatellite markers to examine the diversity of the genetic resources of rice (*Oryza sativa*) adapted to european conditions. *Acta Hort* **546**, 221-235.
- Maxted N, Ford-Lloyd BV, Hawkes JG (1997) Plant conservation: the *in situ* approach. (International Plant Genetic Resources Institute: London)
- McKey D, Emperaire L, Elias M, Pinton F, Robert T, Desmoulière S, Rival L (2001) Gestions locales et dynamiques régionales de la diversité variétale du manioc en Amazonie. *Genet. Sci. Evol.* **3**, 465-490.
- Nkongolo K, Nsapato L (2003) Genetic diversity in *Sorghum bicolor* (L.) Moench accessions from different ecogeographical regions in Malawi assessed with RAPDs. *Genet. Resour. Crop Evol* **50**.
- Olfield MJ, Alcorn JB (1987) Conservation of Tradicional Agroecosystems. *Bioscience* **37**, 199-208.
- Perrier X, Flori A, Bonnot F (2003) Data analysis methods. In 'Genetic diversity of cultivated tropical plants'. (Eds P Hamon, M Seguin, X Perrier and JC Glaszmann) pp. 43-76. (Enfield, Science Publishers: Montpellier)
- Pimm S, Jones H, Diamond J (1988) On the risk of extinction. *The American Naturalist* **132**, 757-785.
- Risterucci AM, Grivet L, N'Goran JAL, Pieretti I, Flament MH, Lanaud C (2000) A high-density linkage map of *Theobroma cacao* L. *Theor Appl Genet* **101**, 1176-1182.
- Saitou N, Nei M (1987) The neighbor-joining method : a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology Evolution* **4**, 406-425.
- Schneider S, Roessli D, Excoffier L (2000) Arlequin : A software for population genetics data analysis. In. (Genetics and Biometry Laboratory, Dept. of Anthropology, University: Geneva, Switzerland)
- Second G (1982) Origin of the genetic diversity of cultivated rice (*Oryza* spp.): study of the polymorphism scored at 40 isozyme loci. *Japanese J. Genet* **57**, 25-57.
- Second G (1985) Relations évolutives chez le genre *Oryza* et processus de domestication. ORSTOM.
- Semon M, Nielsen R, Jones P, McCouch S (2004) The population structure of cultivated *Oryza glaberrima* (Steud): Evidence for elevated levels of LD caused by admixture with *O. sativa* and ecological adaptation. *Genetics* **169**, 639-1647.
- Wood D, Lenné JM (1999) Agrobiodiversity: characterization, utilization and management. (CABI Publishing: Wallingford, UK:)
- Wright S (1978) Evolution and the genetics of populations. In 'Variability within and among natural population.' (University of Chicago Press: Chicago)
- Yu S, Xu W, *et al.* (2003) Molecular diversity and multilocus organization of the parental lines uTheor. *Appl. Genet* in the International Rice Molecular Breeding Program. **2003** **108**, 131-140.

**CHAPITRE VI :**

**DIVERSITE GENETIQUE DES RIZ CULTIVES (*O. SATIVA* ET *O. GLABERRIMA*) AUX NIVEAUX DU CHAMP PAYSAN, DE L'EXPLOITATION AGRICOLE ET DU VILLAGE EN GUINEE, EVALUEE PAR LES MARQUEURS SSR.**

## CHAPITRE VI : DIVERSITE GENETIQUE DES RIZ CULTIVES (*O. SATIVA* ET *O. GLABERRIMA*) AUX NIVEAUX DU CHAMP PAYSAN, DE L'EXPLOITATION AGRICOLE ET DU VILLAGE EN GUINEE, EVALUEE PAR LES MARQUEURS SSR.

Barry M.B<sup>1</sup>, Pham J.L<sup>2</sup>, Courtois B<sup>3</sup>, Billot C<sup>3</sup>, Ahmadi N<sup>4</sup>

1 : Institut de Recherche Agronomique de Guinée, PB 1523, Conakry, Guinée.

2 : UMR DGPC/ IRD, Av Agropolis, 34398 Montpellier Cedex 5, France.

3 : UMR PIA, CIRAD, Av Agropolis, 34398 Montpellier Cedex 5, France.

4 : UR Peuplements de riz, CIRAD, TA70/03, Av Agropolis, 34398 Montpellier Cedex 5, France.

(✉) : [ahmadi@cirad.fr](mailto:ahmadi@cirad.fr)

### Résumé:

La partition de la diversité génétique du riz, entre exploitations, variétés, et la diversité intra-variétale, a été analysée au moyen de 10 marqueurs SSR, dans 2 villages de Guinée maritime aux conditions agro-écologiques contrastées. Un échantillonnage stratifié a conduit au génotypage de 1200 plantes de 45 accessions dans 8 exploitations. La variance moléculaire se décompose à part équivalente entre et dans les accessions, l'effet exploitation est quasi nul. Les variétés locales ont une structure génétique de type multilignées. Le nombre de génotypes multilocus est proportionnel au taux d'utilisation des variétés dans le village. Les  $F_{ST}$  entre accessions indiquent une faible consistance génétique des noms de variété. Le principal facteur explicatif de cette structure variétale est le phénomène de migration et un turnover important des variétés. La richesse génotypique paraît l'indicateur le plus approprié de la répartition quantitative de la diversité à différentes échelles de gestion (accession, exploitation, village). Les  $F_{ST}$  intra exploitation et inter exploitations sont de même ordre de grandeur. La diversité détenue par chaque exploitation n'est pas spécifique mais est importante quantitativement, jusqu'à 50% de la richesse génotypique totale d'un village. La conservation de toutes les associations alléliques ou de génotypes multilocus inventoriées dans les villages ne peut être envisagée que dans le cadre d'une approche *in situ*. Il semble possible d'assurer cette conservation en travaillant avec un petit nombre d'exploitations agricoles.

Keywords: Rice, *in situ* conservation, Diversity partition, within-variety diversity, Guinea.



## Introduction

Depuis le début des années 70, la reconnaissance de l'importance de la diversité génétique des plantes cultivées a conduit les pouvoirs publics à investir dans la création et la maintenance de banques de gènes ou la conservation *ex situ*, en particulier pour les plantes alimentaires majeures comme le blé, le maïs et le riz (Bellon *et al.* 1998; Hawkes 1983). Plus récemment, a émergé le concept de conservation *in situ*, et de conservation à la ferme ((Altieri and Merrick 1987; Maxted *et al.* 2002) qui, pour les plantes cultivées, implique la culture continue de l'espèce ou des variétés visées, par des agriculteurs, dans l'agrosystème où la plante a évolué (Bellon *et al.* 1997). (Tin *et al.* 2001) qui ont comparé des échantillons de 7 variétés de riz collectées à trois reprises dans le temps -1980, 1990 et 1997- dans le delta du Mékong, montrent une évolution des caractéristiques des variétés. Les échantillons de 1997 présentent une meilleure adaptation aux conditions de culture actuelles. En fait, les approches *ex situ* et *in situ* sont complémentaires et nombreux sont les auteurs qui recommandent de les inclure ensemble dans les stratégies de conservation (Brush 1999; IPGRI 1993; Maxted *et al.* 2002; Olfield and Alcorn 1987; Wood and Lenné 1999). Cependant, les méthodes pour la mise en œuvre de la conservation *in situ* restent encore largement à inventer.

Un des aspects méthodologiques importants pour l'élaboration d'une stratégie de conservation *in situ* des ressources génétiques de plantes cultivées est la connaissance de l'étendue, de la structuration et de la distribution spatiale de la diversité génétique à conserver ainsi que les risques d'extinction encourus (Bellon *et al.* 1997). C'est sur la base de cette connaissance que pourra être raisonné le choix des entités génétiques à conserver, et des unités éco-géographiques et d'organisation sociale (exploitation, village, groupe de villages, région agricole, ...), où doivent se focaliser les actions de conservation. A ce jour, les données collectées portent essentiellement sur le nombre de variétés gérées à différentes échelles. Elles amènent à conclure que la diversité gérée par les paysans individuels est largement inférieure à celle gérée par le village ((Bellon *et al.* 1998; Brush 1991; McKey *et al.* 2001; Salick *et al.* 1997) et que celle gérée à l'échelle d'un village est inférieure à celle gérée au niveau d'une région. Les auteurs suggèrent que, même si l'exploitation agricole est la plus petite unité sociale où se prennent les décisions relatives à la sélection et à la maintenance de la diversité, c'est au niveau village que devrait se situer l'analyse de l'évolution de la diversité ((Bellon *et al.* 1997; McKey *et al.* 2001).

Un autre aspect méthodologique important est de définir les contours de la « variété locale » à conserver. De nombreuses études rapportent l'existence d'une variabilité morphologique intra-variétale (within variety) chez les variétés locales. Mais le nombre de travaux évaluant la composante génétique de cette variabilité est faible. Or, la variabilité intra-variétal, façonnée en grande partie par les pratiques agricoles, est un facteur important de l'évolution génétique *in situ* ((Pham *et al.* 2000). Le polymorphisme intra-variétal est aussi à l'origine du fait qu'un même nom de variété locale peut désigner des populations qui n'ont pas tout à fait la même composition phénotypique et génotypique.

Nous nous sommes posées ces questions méthodologiques dans le but d'élaborer une stratégie pour la conservation des ressources génétiques du riz en Guinée, pays considéré comme un centre de diversification de l'espèce africaine de riz cultivée *O. glaberrima* ((Portères 1956) et proposé comme zone intéressante pour la conservation *in situ* des riz d'origine africaine ((Bezançon 1995).

Dans une précédente étude, nous avons défini les modalités de choix des villages où serait mise en œuvre les actions conservations des ressources génétiques riz (Barry *et al.* 2006c), en nous appuyant sur l'analyse de la structuration et la distribution éco-géographique de la diversité génétique du riz à l'échelle d'une région naturelle, la Guinée maritime.

**Table VI-1: Main characteristics of the two research villages**

Characteristics	Village n°1 (LEV)	Village n°2 (UEV)
Name	Kifinda	Kancthrott
<b>Geographical position</b>		
Prefecture	Boffa	Boké
Sous-prefecture	Tougnifily	Dabis
Ecosystem	Lowland	Upland
	Mangrove area crossed by a wide-mouthed river and subject in its downstream part to tidal regime	Costal plateau and glacis on ferralitic soil bearing néré savannah
Accessibility	Good	Very bad
<b>Farming systems</b>		
Number of inhabitants	1600	350
Number of farms	193	40
Main ethnic groups	Bagas & Soussous	Landouma
Intensity of land use	Low	High
Main crops	Mangrove rice (1) and rainfed lowland rice	Upland rice and peanut
Secondary crops	Cassava, sweet potatoes	Fonio, cassava
Other activities	Stock breeding, salt and palm oil extraction, fishing	Stock breeding
Extension services	Present	Absent
<b>Rice cropping systems</b>		
Crop rotation	Rice monoculture	Slash and burn, rice, peanut, fonio, fallow
Crop establishment	Transplanting	Direct broadcasting
Chemical input	No	No
Work forces	Manual	Manual
Spatial distribution of rice plots	Widespread	Grouped
<b>Rice varieties and seed management</b>		
Species	<i>O. sativa</i>	<i>O. sativa</i> and <i>O. glaberrima</i>
Cultivated varieties	20	19
Major varieties (2)	4	1
Origin of new varieties	Extension services and neighbour villages	Neighbour villages
Origin of seeds	Previous harvest, neighbours and family	Previous harvest, neighbours and family (3)
Seed selection	Very rare	Rare

LEV: Low land ecosystem Village; UEV: Upland ecosystem village (1): located on the seaside these paddy fields are of high salinity despite embankment; (2): variety cultivated by at least 50% of the village farmers. (3): recourse to neighbours and family may have 2 different causes: (a) quantitative shortage of seed at the farm level (b) deterioration of seed purity after several years.

**Table VI-2: Main characteristics of farms where plant materiel was collected.**

Village type	Lowland ecosystem			Upland ecosystem pluvial		
	A <sup>1</sup>	B <sup>1</sup>	Mean <sup>2</sup>	A <sup>1</sup>	B <sup>1</sup>	Mean <sup>2</sup>
Farm type						
Age of farmer	-	-	59	-	-	47
Household	10.3	9.0	9.8	14.8	5.6	9.7
Active household	5.2	4.9	5.1	7.8	3.4	5.0
Number of rice fields	-	-	4.3	-	-	1.0
Number of rice plots	6.7	3.5	5.4	1.2	1.1	1.2
Rice cultivated area (ha)	3.7	1.8	2.2	2.1	0.7	1.0
Number of rice varieties	6.0	3.0	4.8	3.4	1.7	2.0

A and B: Big and small farms; 1: Data presented are the mean value of 2 farms chosen at random; 2: Data presented are the mean value of 12 farms characterised for the establishment of farms typology in each village.

Dans la présente étude nous cherchons à définir les modalités d'échantillonnage des exploitations et des variétés de riz au niveau de villages cibles d'actions de conservation. Dans ce but nous avons analysé -1- l'importance et la structure de la diversité génétique intra-variétale des variétés locales de riz -2- l'importance de la diversité gérée par une exploitation agricole et -3- la partition de la diversité génétique d'un village, entre les exploitations, les variétés et la diversité intra-variétale. Ces analyses ont permis de surcroît d'aborder la question de la consistance génétique des noms de variétés, et celle de la diversité contenue dans les variétés mineures et majeures.

## **1. Matériel et méthode**

### **1.1. Choix des villages d'étude et leurs principales caractéristiques**

Le choix des 2 villages d'étude a été basée sur les résultats de nos travaux antérieurs portant sur l'analyse des pratiques de gestion des variétés et des semences du riz par les agriculteurs de la Guinée maritime (Barry *et al.* 2006b) et sur la distribution eco-géographique de la diversité génétique du riz dans cette même région (Barry *et al.* 2006c). Ces études s'appuyaient sur un échantillon de 14 villages sélectionnés pour couvrir la diversité agro-écologique de la région d'étude.

Les deux villages retenus pour la présente étude représentent les deux situations agroécologiques et les deux systèmes rizicoles majeurs de la région. Le village Kifinda est situé en zone littorale et pratique la riziculture aquatique dans un continuum allant de la mangrove de front de mer, fortement salée, à une plaine inondée d'eau douce. Le village Kancthrott est situé à l'intérieur des terres, au delà de la bande littorale, sur un glacis de 20 à 100 m d'altitude portant une savane arborée. La riziculture y est pratiquée sur sols exondés dans un système itinérant de défriche brûlis (Tableau VI-1). Dans ce qui suit il sera fait mention de ces villages, respectivement comme village de l'écosystème inondé (VEI) et village de l'écosystème pluvial (VEP).

### **1.2. Choix des exploitations**

Dans chaque village, après un inventaire exhaustif des exploitations, 12 d'entre elles ont été tirées au hasard pour procéder à une typologie des systèmes de production, d'une part, et conduire des enquêtes sur les pratiques de gestion des variétés et des semences, d'autre part. Dans chaque village, la typologie des exploitations a conduit à les subdiviser en deux catégories A et B sur la base de l'importance des facteurs de production, notamment les superficies rizicultivées et le nombre d'actifs agricoles (Tableau VI-2), la Catégorie A étant celle ayant les superficies et les nombres d'actifs les plus élevés (Barry *et al.* 2006b). Enfin, dans chaque village, et dans chaque catégorie d'exploitation, deux exploitations ont été tirées au hasard, pour la collecte des échantillons servant aux analyses de diversité.

### **1.3. Echantillonnage des variétés de riz**

En 2002, dans chacun des 2 villages, un inventaire exhaustif des variétés de riz cultivées a été réalisé sur la base des noms de variété. L'importance de l'utilisation de chacune des variétés dans le village a été ensuite déterminée par une enquête auprès de toutes les exploitations du village. Les variétés ont été alors classées en deux catégories : variétés majeures, utilisées par plus de 50% des exploitations du village, et variétés mineures, utilisées par moins de 50% des exploitations. Pour chaque variété, l'appartenance à l'une des deux espèces cultivées *Oryza sativa* ou *O. glaberrima* a été déterminée au champ sur la base des caractéristiques de la

panicule. Enfin, chaque variété a été classée en type traditionnel ou amélioré ((Barry *et al.* 2006b).

Pour chaque variété un échantillon composé de 4 plantes a été prélevé au champ en vue de caractérisation moléculaire (Barry *et al.* 2006c).

En 2003, un échantillon de toutes les variétés cultivées par chacune des 4 exploitations (2 de type A et 2 de type B) de chacun des 2 villages d'étude a été prélevé au champ. Certaines variétés étant présentes dans plusieurs exploitations, elles ont été échantillonnées à plusieurs reprises et sont donc représentées par plusieurs accessions. Chaque accession est constituée de 27 panicules prélevées sur des plantes prises au hasard. Le choix du nombre 27 est un compromis entre les capacités et procédures de génotypage du laboratoire et une bonne prise en compte de la variabilité intra-variétale. Les analyses moléculaires ont porté sur une plantule issue d'un grain prélevé sur chacune des 27 panicules.

Dans le VEP, le nombre de variétés mineures présentes dans les 4 exploitations d'étude a été jugé insuffisant pour la comparaison de la structure génétique des variétés mineures et des variétés majeures. Pour y remédier, 5 échantillons de variétés mineures ont été collectés en dehors des exploitations d'étude.

#### **1.4. Caractérisation de la diversité génétique**

**Marqueur** : La diversité génétique a été analysée au niveau de 10 locus microsatellites choisis pour leur polymorphisme élevé *O. sativa*, RM1, RM7, RM11, RM21, RM122, RM164 et RM168 (Luce *et al.* 2001), ou chez *O. glaberrima* RM229, RM224 et RM332 (Simon Mandé, comm. pers.).

**Génotypage** : L'ADN total a été extrait selon la méthode MATAB décrite par (Risterucci *et al.* 2000). L'amplification des ADN a été réalisée par Polymerase Chain Reaction (PCR) dans des plaques de 384 puits à l'aide de thermocycleurs de type Mastercycler (Eppendorf) ou DYAD (MJ Research). Les produits PCR ont été mis à migrer en multiplex (deux couples d'amorces) sur gel d'acrylamide (7% ou 8%) par un séquenceur automatique de type Licor IR<sup>2</sup> (Plate-forme de génotypage de la Génopole Montpellier Languedoc Roussillon, hébergée au sein de l'UMR PIA du CIRAD).

##### **Analyse des données**

Utilisant le logiciel Power Marker version 3.20 (Liu and Muse 2001-2004), la diversité de chaque accession a été caractérisée par 4 statistiques : le nombre d'allèles par locus ( $N_a$ ), le taux d'hétérozygotie ( $H_o$ ), le Polymorphism Information Content (PIC), qui mesure la diversité génique (Bostsstein *et al.* 1980), et le nombre de génotype multilocus ( $N_g$ ).

La différenciation génétique entre paires d'accessions a été évaluée par le  $F_{ST}$  (Wright 1931; Wright 1978) calculé à l'aide du logiciel Arlequin version 2.000 (signification évaluée avec 1023 permutations). Fondée sur la variance des fréquences alléliques entre groupes, le  $F_{ST}$  peut être assimilée à une distance génétique.

La répartition hiérarchique de la variance moléculaire entre différents niveaux d'échantillonnage a été analysée par la méthode d'analyse de variance moléculaire (AMOVA) (Excoffier *et al.* 1992) à l'aide du logiciel ARLEQUIN version 2.000 (Schneider *et al.* 2000).

La structure génétique de chaque accession a été analysée au moyen d'une représentation graphique sous la forme de dendrogramme selon la méthode Neighbor Joining (NJ) en utilisant la matrice de similarité, entre les 27 plantes de l'accession, basée sur l'indice de Dice (Saitou and Nei 1987). Les représentations graphiques ont été réalisées par le logiciel DARwin.5 (Perrier *et al.* 2003). Le nombre de génotypes multilocus de chacune des accessions a été obtenu à partir de son dendrogramme.

Les données  $F_{ST}$  par paire d'accession et de structure génétique de chaque accession ont été utilisées pour documenter la question de la « consistance des noms » des variétés

**Table VI-3: Inventory and main characteristics of rice varieties in the 2 research villages**

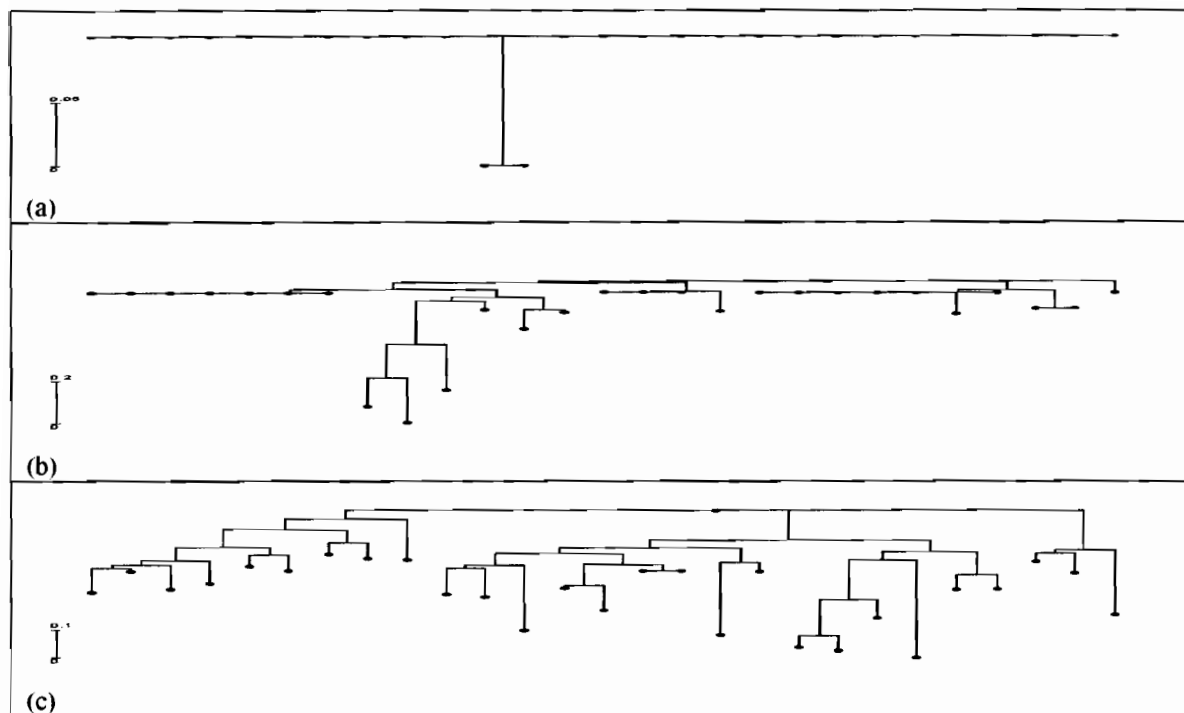
Lowland ecosystem village								Upland ecosystem village							
Varieties				Collect				Varieties				Collect			
Name	Type			Farms				Name	Type			Farms			
N°	1	2	3	A1	A2	B1	B2		1	2	3	A1	A2	B1	B2
1	Djogoya	Mj	Os	LV	x	x	x	Djou Kèmè	Mj	Os	LV	x	x	x	x
2	Kinsampéna	Mj	Os	LV	x	x	x	B-Djou Kèmè	Mi	Os	LV	x			
3	B38D2	Mi	Os	IV	x	x		Conakry (2)	Mi	Os	LV		x		
4	BA8A	Mi	Os	LV				Fafendé	Mi	Os	LV		x		
5	Balanta	Mi	Os	LV				Kondon (1)	Mi	Og	LV				x
6	Barkamadina	Mi	Os	LV	x			Mawapou	Mi	Os	LV		x		
7	Dissi	Mi	Os	LV				Messè Messè	Mi	Os	LV		x		
8	Fodè Linsény	Mi	Os	LV		x		Moromi (1)	Mi	Os	LV	x			x
9	Guinè Kobi	Mi	Os	LV		x		Saagnakhi	Mi	Og	LV	x			
10	Kaoulaka	Mi	Os	LV	x	x		Samanden (1)	Mi	Og	LV				x
11	Kaoulaka	Mi	Os	LV				Dépa	Mi	Os	LV				
12	Katako	Mi	Os	LV	x			Toundébo	Mi	Os	LV				
13	Khobè	Mi	Os	LV		x		Kimbéli	Mi	Og	LV				
14	Kissosso	Mi	Os	LV	x	x		Yimbaya	Mi	Os	LV				
15	Koba	Mi	Os	LV		x		Mawouyon	Mi	Os	LV				
16	Manènè	Mi	Os	LV		x		Massékou	Mi	Os	LV				
17	Rok5	Mi	Os	IV				Lissi Lissi	Mi	Og	LV				
18	Tambayéguéty	Mi	Os	LV				Massouba	Mi	Os	LV				
19	Tankoro	Mi	Os	LV				Wassoulon	Mi	Os	LV				
20	War73	Mi	Os	IV	x	x									
21	WAR77	Mi	Os	LV		x									
22	Yampony	Mi	Os	LV	x										x
Total					9	12	2	2				4	5	2	3

Mj: Major variety; Mi: Minor variety; LV: Local variety; IV: Improved variety; Os: *O. sativa*; Og: *O. glaberrima*; (1): additional accessions collected outside the 4 research farms.

**Table VI-4: Characteristics of varieties in each of the 8 research farms**

Village	Lowland ecosystem					Upland ecosystem				
	Variety type					Variety type				
Farms	Mj	Mi	Lv	Iv	Total	Mj	Mi	Os	Og	Total
A1	2	7	7	2	9	1	3	3	1	4
A2	2	10	8	4	12	1	4	5	0	5
B1	2	0	2	0	2	1	1	1	1	2
B2	0	2	2	0	2	1	2	2	1	3
Total	6	19	19	6	25	4	10	11	3	14

A and B: Big and small farms; Mj: Major variety; Mi: Minor variety; LV: Local variety; IV: Improved variety; Os: *O. sativa*; Og: *O. glaberrima*;



**Figure VI-1:** Dendrogramme Neighbor Joining construit à partir des indices similarité de Dice entre individus entre 27 individus constituant une accession. (a) : de la variété Mawapou avec un génotype majoritaire et un génotype secondaire ; b : de la variété Samanden avec deux génotypes majoritaires et plusieurs génotype minoritaires ; (c) : de la variété Kaoulaka, sans génotype majoritaire et une grande variabilité intra.

**Table VI-5:** Within-accession genetic diversity of accessions

Accessions	Lowland ecosystem village					Upland ecosystem village					
	All	Mj	Mi	LV	IV	All	Mj	Mi	Os	Og	
N	25	6	6	19	6	19	4	9	11	3	
Na	Mean	3.1	3.5	1.9	3.3	2.5	2.1	2.3	1.8	2.1	2.1
	Min	1.3	3.1	1.3	1.3	1.3	1.4	1.8	1.3	1.4	1.8
	Max	4.8	4.4	2.2	4.8	3.4	2.9	2.9	2.8	2.9	2.8
	STD	0.93	0.5	0.4	0.9	0.9	0.5	0.5	0.5	0.5	0.5
Ho	Mean	0.02	0.02	0.01	0.02	0.01	0.02	0.05	0.01	0.03	0.00
	Min	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00
	Max	0.11	0.03	0.01	0.11	0.03	0.09	0.09	0.02	0.09	0.01
	STD	0.02	0.01	0.00	0.02	0.01	0.03	0.05	0.01	0.04	0.00
PIC	Mean	0.257	0.336	0.093	0.288	0.155	0.190	0.221	0.121	0.169	0.176
	Min	0.100	0.252	0.037	0.010	0.037	0.039	0.136	0.100	0.039	0.115
	Max	0.510	0.456	0.155	0.510	0.364	0.326	0.268	0.300	0.326	0.252
	STD	0.147	0.074	0.045	0.140	0.130	0.089	0.091	0.086	0.094	0.079
Ng	Mean	13.9	17.0	6.4	15	10.3	9.3	13.0	7.7	8.54	12
	Min	2	11	3	4	2	2	6	2	2	6
	Max	25	21	10	25	19	23	23	13	14	23
	STD	6.7	3.8	2.9	6	7.2	5.2	7.4	4.1	3.8	9.5

N: Number of accessions; Na: mean number of alleles per locus and per variety; Ho: mean heterozygosity rate per locus; PIC: Polymorphism Information Content; Ng: Number of multilocus genotypes; Min: Minimum; Max: Maximum; STD: Standard deviation. All: All accessions; Mj: Major variety; Mi: Minor variety; LV: Local variety; IV: Improved variety; Os: *O. sativa*; Og: *O. glaberrima*;

traditionnelles, c'est-à-dire l'identité génétique entre accessions de la même variété, prélevés dans des exploitations différentes.

## 2. Résultats

### 2.1. Le matériel végétal collecté

L'inventaire des variétés de riz cultivées dans les 2 villages a révélé la présence de 22 variétés dans VEI et 19 variétés dans VEP. VEI possède 2 variétés majeures (cultivées par plus de 50% des agriculteurs) alors que VEP n'en possède qu'une seule. De même, VEI possède 6 variétés améliorées alors que VEP n'en possède aucune. Enfin, VEI ne possède que des variétés de l'espèce *O. sativa* alors que VEP possède aussi 5 variétés de l'espèce *O. glaberrima*. Il est à noter aussi que, dans les 2 villages, les variétés majeures sont de type traditionnel et appartiennent à l'espèce *O. sativa* (Tableau VI-3).

L'inventaire et l'échantillonnage des variétés de riz présentes dans les 4 exploitations du VEI ont conduit à la collecte de 25 accessions correspondant à 16 variétés, et dans les 4 exploitations du VEP à 14 accessions correspondant à 10 variétés (Tableau VI-4). Le nombre de variétés par exploitation est largement plus important dans VEI que dans VEP, en particulier dans les exploitations de type A. Dans notre échantillon d'exploitations, celle de type A ont, en général, un plus grand nombre de variétés mineures et sont les seules à avoir des variétés de type amélioré. Compte tenu de ces différences numériques et de la présence de variétés d'*O. glaberrima* dans VEP, présentant une forte différenciation génétique par rapport aux variétés de l'espèce *O. sativa*, les données relatives aux 2 villages sont traitées séparément.

### 2.2. Diversité intra-variétale des variétés locales

#### 2.2.1. Structure génétique des variétés locales

Les 27 individus de chacune des accessions collectées n'ont pas les mêmes génotypes aux dix locus étudiés. En moyenne, le nombre d'allèles par locus ( $N_a$ ) est de 3.1 pour les accessions du VEI et de 2.1 pour les accessions du VEP. Chaque accession est constituée de plusieurs génotypes multilocus. Le nombre moyen de génotypes ( $N_g$ ) par accession est de 14.0 dans VEI et de 9.1 dans VEP (Tableau VI-5).

La valeur de  $N_g$  par accession est très variable. Alors que certaines ne contiennent que 2 ou 3 génotypes, d'autres peuvent contenir jusqu'à 25 génotypes parmi les 27 individus analysés (Figure VI-1). En général, chaque accession n'est constituée que d'un ou deux génotypes majoritaires et d'un ensemble d'autres génotypes plus ou moins distants du génotype majoritaire. Les accessions les plus hétérogènes n'ont cependant pas de génotype majoritaire. Les valeurs de  $N_a$  et  $N_g$ , à peu près identiques pour les accessions d'*O. sativa* et d'*O. glaberrima* laissent penser que la structuration génétique multilocus n'est pas liée à l'espèce (Tableau VI-5). Par contre les valeurs de  $N_a$  et  $N_g$  des accessions correspondant aux variétés majeures sont largement supérieures à celles des variétés mineures.

Enfin, les valeurs de  $N_a$  et  $N_g$  des variétés traditionnelles sont sensiblement supérieures à celles des variétés améliorées. Ceci confirme l'importance du phénomène de migration ou mélange dans la formation de la structure multilocus.

#### 2.2.2. Consistance entre le nom et le génotype des accessions

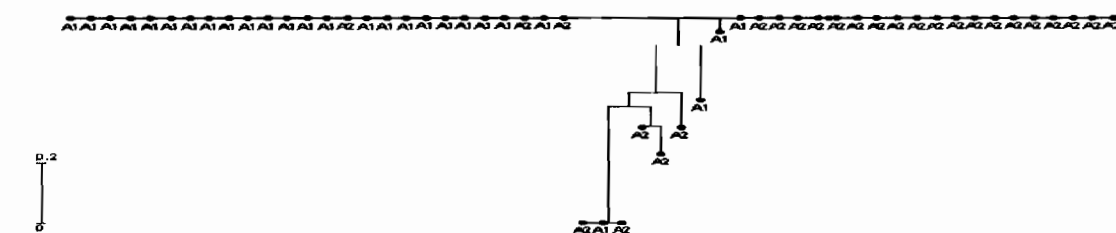
L'échantillonnage réalisé dans les deux villages d'étude offre la possibilité d'analyser la consistance d'un nom impliquant 4 accessions, de 5 noms impliquant chacun 3 accessions et 6 noms impliquant chacun 2 accessions (Tableau VI-5).



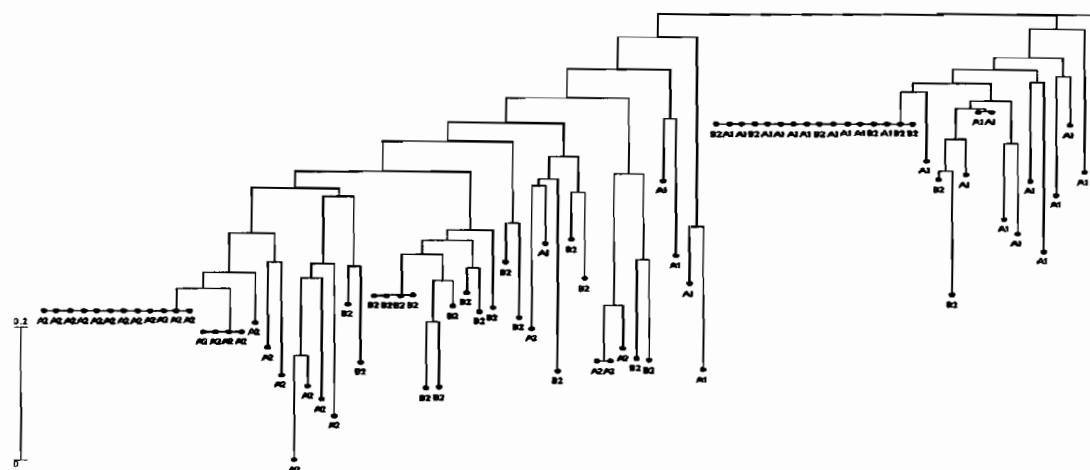
**Table VI-6: Genetic differentiation between different accessions of the same variety.**

		$F_{ST}$ pairwise							
Village	Varieties		Pair1	Pair2	Pair3	Pair 4	Pair 5	Pair 6	Mean
	Names	Type							
LEV	Djogoya (3)	Mj	0.36	0.14	0.11				0.15
	Kinsampéna (3)	Mj	0.48	0.38	0.56				0.47
	Kissosso (2)	Mi	0.13						0.13
	Kaoulaka (2)	Mi	0.33						0.33
	B38D2 (2)	Mi	0.42						0.42
UEV	Djou Kèmè (4)	Mj	0.6	0.16	0.11	0.7	0.69	0.05	0.38
	Moromi (2)	Mi	0.66						0.66
	Conakry (3)	Mi	0.02	0.05	0.03				0.03
	Kondon (2)	Mi	0.61						0.61
	Samanden (2)	Mi	0.43						0.43

LEV: Lowland land ecosystem village; UEV: Upland ecosystem village; Mj: Major variety; Mi: Minor variety; (x) : Number of accessions for the given variety.



(a)



(b)

**Figure VI-2 :** Dendrogramme Neighbor Joining construit à partir des indices similarité de Dice entre les 27 individus de (a) de chacun des 2 accessions de la variété Kissosso avec une bonne consistance et (b) de chacun des 3 accessions de la variété Djogoya avec une consistance moyenne. Chaque individu d'une accession est identifié par le type d'exploitation à laquelle l'accession appartient (A1, A2, B1, B2).



**Table VI-7: ANOVA results on different diversity parameters**

Village	Farms	Nac	Na	Ho	PIC
LEV	A1	9	8.3 a	0.027 a	0.603 a
	A2	12	8.5 a	0.011 a	0.605 a
	B1	2	6.1 ab	0.002 b	0.534 ab
	B2	2	5.3 b	0.006 b	0.432 b
	Mean	-	7.05	0.012	0.544
UEV	A1	4	5.7 a	0.032 a	0.597 a
	A2	5	5.6 a	0.019 a	0.556 a
	B1	2	3.6 b	0.005 a	0.481 a
	B2	3	3.5 b	0.003 a	0.480 a
	Mean	-	4.6	0.015	0.529

LEV: Lowland land ecosystem village; UEV: Upland ecosystem village;

A and B: Big and small farms; Nac: Number of accessions;

Na: mean number of alleles per variety;

H<sub>o</sub>: mean heterozygosity rate per locus;

PIC: Polymorphism Information Content.

Aucune paire d'accessions examinée n'a montré une identité génotypique parfaite. Le niveau de consistance des noms a été alors évalué par deux approches. L'une a consisté en l'évaluation de la différenciation génétique entre accessions de même nom en calculant le  $F_{ST}$  par paire d'accessions. L'autre est basée sur l'analyse de la position des individus des différentes accessions homonymes sur un arbre Neighbor Joining construit à partir des indices de Dice entre individus.

Les valeurs des  $F_{ST}$  par paire d'accession sont très variables d'une variété à une autre et, pour une variété donnée, selon les paires d'accessions (Tableau VI-6). Un grand nombre de valeurs de  $F_{ST}$  sont proches ou supérieures à 0.5, en particulier dans VEP. Or, selon Wright (1978) lorsque la valeur du  $F_{ST}$  entre deux populations est supérieure à 0.50, les deux populations ne doivent plus être considérées comme une seule entité génétique. Il semble donc que dans certains cas, par exemple le nom Djou Kème dans VEP, la différenciation génétique observée ne soit pas le fait de phénomènes classiques de dérive, lors du passage de la variété d'une exploitation à une autre, et/ou de migration entre différentes variétés d'une même exploitation, mais qu'il s'agisse d'entités génétiques, donc de variétés, complètement distinctes. Il ne semble pas y avoir de lien direct entre les valeurs de  $F_{ST}$  et le type de variété en terme de statut « majeur » ou « mineur » de la variété ou de son appartenance à l'une ou l'autre des deux espèces cultivées. Par contre il existe clairement une liaison entre les valeurs de  $F_{ST}$  et le type « traditionnel » ou « amélioré » de la variété. Toutes les valeurs  $F_{ST}$  par paires sont faibles pour les paires d'accessions de variétés améliorées.

L'arbre Neighbor Joining des indices de similarité de Dice confirment la variabilité du niveau de consistance des noms mesurée par les  $F_{ST}$  par paire (données non présentées). Elles montrent aussi que la plupart des accessions d'une même variété prélevées dans des exploitations différentes, ont en commun le, ou les, génotypes majoritaires de la variété mais que les fréquences de ce ou ces génotypes varient d'une accession à l'autre (Figure VI-2). De plus, en général, les génotypes minoritaires sont spécifiques à chaque accession. Le cas de la variété Kissoso (Figure VI-2a), illustre une situation de faible différenciation génétique ( $F_{ST} = 0,13$ ). Le génotype majoritaire représente 89% des individus dans l'accession prélevée dans l'exploitation A1, et 81% dans l'accession prélevée dans l'exploitation A2. La plupart des génotypes minoritaires des deux accessions sont différents. Le cas de la variété Djogoya

(Figure VI-2b), illustre une situation de forte différenciation génétique ( $F_{ST} = 0,45$ ) entre les trois accessions. La part du génotype majoritaire est inférieure à 50% et la plupart des génotypes minoritaires sont aussi différents.

Ainsi la diversité à l'intérieur d'une variété est largement supérieure à la diversité à l'intérieur de chacune des accessions de cette variété détenue par différentes exploitations du village.

### 2.3. Diversité génétique présente dans une exploitation agricole

#### 2.3.1. Etendue et variabilité de la diversité génétique

La comparaison par ANOVA (Tableau VI-7) des Na et PIC calculés pour chaque exploitation indique l'existence de différences significatives entre les exploitations de catégorie A et B d'un même village. Par contre, les différences entre les niveaux de diversité allélique des exploitations de même catégorie ne sont pas significatives. La différence entre la diversité détenue par les exploitations de type A et B est plus marquée dans VEI où les exploitants de type A cultivent un nombre de variétés très largement plus élevé que les exploitants de type B. Le nombre de variétés n'est cependant pas le seul facteur explicatif car les valeurs de Na et PIC calculées au niveau de l'exploitation intègrent à la fois la diversité inter-variétale et la diversité intra-variétale.

**Table VI-8:** Frequency of pairwise  $F_{ST}$  in different classes of genetic differentiation

Villages	Varieties	Npac	Degree of genetic differentiation *				Mean of pairwise $F_{ST}$
			Low <0.05	Moderate 0.05 to 0.15	High 0.16 to 0.25	Very high >0.25	
LEV	All	300	0	5%	3%	92%	0.54
	Lv	190	0	4	3	93	0.54
	Iv	10	0	20	10	70	0.34
	Lv/Iv	100	0	5	3	92	0.58
UEV	All	91	0	1	2	97	0.73
	Os	55	0	2	2	96	0.68
	Og	3	0	0	0	100	0.45
	Os/Og	33	0	0	0	100	0.83

Npac: Number of pairs of accessions; All: All accessions in the village; LV: Local variety; IV: Improved variety; Os: *O. sativa*; Og: *O. glaberrima*; \*Wright (1978).

**Table VI-9:** Comparison of mean value of intra and inter-farm pairwise  $F_{ST}$ .

Villages	Means of intra-farm $F_{ST}$				Mean	Means of inter-farms $F_{ST}$				Mean		
	A1/A1	A2/A2	B1/B1	B2/B2		A1/A2	A1/B1	A1/B2	A2/B1		A2/B2	B1/B2
LEV	0.58	0.60	0.35	0.42	<b>0.49</b>	0.59	0.41	0.45	0.40	0.48	0.27	<b>0.43</b>
UEV	0.68	0.76	0.75	0.7	<b>0.72</b>	0.75	0.59	0.66	0.78	0.76	0.71	<b>0.71</b>
Mean	0.63	0.68	0.55	0.56	<b>0.61</b>	0.67	0.50	0.56	0.59	0.62	0.49	<b>0.57</b>

A and B: Big and small farms; LEV: Lowland land ecosystem village; UEV: Upland ecosystem village

### 2.3.2. Différenciation génétique liée aux exploitations

La différenciation génétique entre exploitations d'un même village a été estimée en comparant la différenciation génétique entre les variétés d'une même exploitation à la différenciation génétique entre ces variétés et celles présentes dans les autres exploitations du village. Pour ce faire, nous avons calculé les  $F_{ST}$  pour toutes les paires d'accessions de chaque village, et déterminé le degré de signification de chaque  $F_{ST}$ . Dans les deux villages, plus de 90% des  $F_{ST}$  par paires sont supérieurs à 0.25, et à une seule exception près, les valeurs des 391  $F_{ST}$  sont significativement différentes de zéro (Tableau VI-8). Sachant que Wright (1978) considère comme « élevée » toute valeur  $F_{ST}$  par paires supérieure à 0.25, on peut conclure que, globalement la différenciation génétique entre accessions d'un même village est très importante. Il est à noter que dans VEI, la différenciation génétique entre les accessions de type traditionnel et les accessions de type amélioré est en moyenne plus importante que la différenciation entre les accessions de même type. De même, dans VEP, la différenciation génétique entre les accessions de l'espèce *O. sativa* et les accessions de l'espèce *O. glaberrima* est, en moyenne, plus grande que la différenciation entre les accessions d'une même espèce.

Pour ce qui est de la différenciation génétique entre exploitations, les valeurs de  $F_{ST}$  par paires (Tableau VI-9) montrent qu'en moyenne, les variétés d'une même exploitation ne sont pas plus proches entre elles qu'avec les accessions ou variétés appartenant à d'autres exploitations du village. De même, dans les deux villages, la moyenne des  $F_{ST}$ , entre paire de variétés d'une exploitation n'est pas significativement différente de la moyenne des  $F_{ST}$  entre paire d'accessions provenant des 4 exploitations du village (Tableau VI-9). Ceci indique que les accessions d'une même exploitation ne sont pas plus proches entre elles que des accessions appartenant à d'autres exploitations. Il ne semble donc pas y avoir de différenciation génétique liée aux exploitations.

### 2.4. Répartition de la diversité génétique entre niveaux d'échantillonnage

La décomposition, par AMOVA, de la variance moléculaire totale révélée par l'ensemble des accessions collectées dans chaque village, entre les 3 échelles d'échantillonnage (exploitation, accessions et individu) montre que dans les deux villages, -1- la variance moléculaire entre exploitations n'est pas significative ; la diversité génétique totale se distribue uniquement entre et dans les accessions et -2- la variance moléculaire entre accessions est supérieure à celle entre plantes de la même accession (Tableau VI-10). Dans VEI, la variance moléculaire entre les variétés d'une même exploitation représente 59% de la variance totale et celle entre individus d'une même accession représente 44%. Dans VEP, la part de la variance liée aux accessions d'une même exploitation est encore plus importante et s'élève à 76%.

**Table VI-10:** Summary of analysis of molecular variance results for each research village

Source of variation	Lowland ecosystem village			Upland ecosystem village		
	DF	Variance	P	DF	Variance	P
Among farms	3	-0.9	ns	3	0.1	ns
Among varieties within farm	21	19.4	a	10	2.9	a
Within variety	1325	14.4	a	742	0.8	a
Total	1349	32.9		755	3.8	

DF: Degrees of freedom; P: Probability; ns:  $p > 0.5$ ; a:  $p < 0.0001$ .

**Table VI-11: Relative importance of genetic diversity at different scales of diversity management**

	Region	Village		Farm		Accession		
		(1)	(2)	A	B	Mj	Mi	
LEV	Nv	113.0	19.0	16.0	10.5	2.0	-	-
	Na	12.8	5.8	13.7	8.4	5.7	3.5	1.9
	Ng	113.0	19.0	241.0	117.0	30.0	17.0	6.4
UEV	Nv	113.0	20.0	10.0	4.5	2.5	-	-
	Na	12.8	6.2	10.5	5.7	3.6	2.3	1.8
	Ng	113.0	20.2	84.0	40.0	20.0	13.0	7.7

LEV: Lowland land ecosystem village; UEV: Upland ecosystem village; Region: Maritime Guinea, mean of 14 villages; A and B: Big and small farms; Nv: Number of varieties; Na: number of alleles; Ng: Number of multilocus genotypes; (1): Data of the inventory of all the varieties in each village, not including within variety diversity; (2): Data from 4 research farms including within variety 27 individual diversity.

L'analyse de la répartition quantitative de la diversité génétique présente à différents niveaux d'échantillonnage montre qu'en terme de richesse allélique (Na) chacun de ces niveaux contient une part très importante de la diversité du niveau immédiatement supérieur (Tableau VI-11). Par contre, en terme de nombre de génotypes (Ng), cette part est, en générale, bien moins importante.

Une accession de type majeur représente, en moyenne, 40% de la richesse allélique d'une exploitation de type A, et 60% d'une exploitation de type B, où le nombre total de variétés est moins important. De même, une accession d'une variété majeure contient en moyenne près de 25% de la richesse allélique du village et une accession mineure plus de 15%. Par contre en terme de nombre de génotype (Ng), une accession majeure ne représente que 15 à 30% de la diversité d'une exploitation de type A et 7 à 15% de la diversité du village.

Une exploitation de type A contient plus de 55% de la richesse allélique du village et une exploitation de type B, près de 35%. La richesse en Ng d'une exploitation de type A représente près de 50% de celle du village. Celle d'une exploitation de type B seulement de 10 à 20% selon les villages.

En s'appuyant sur les données d'étude régionale (Barry *et al.* 2006b), il est possible aussi de d'évaluer l'importance relative de la diversité entre village et région : chaque village renferme 17% des variétés et plus de 45% de richesse allélique de la région ; la richesse allélique de 2 villages représente près de 90% de la richesse allélique de la région (Tableau VI-11).

Enfin, le Tableau VI-11 montre aussi que les valeurs de Na de chaque village, estimés à travers la diversité intra et inter variétale des accessions des 4 exploitations de l'étude, sont de 1.7 (village VEP) à 2.5 (village VEI) fois supérieurs aux valeurs de Na obtenues par l'analyse de la diversité d'échantillons consensus de toutes les variétés du village. Ces chiffres passent à 4.2 et 12.5 fois pour les valeurs de Ng et souligne l'importance de la diversité intra variétale dans l'estimation quantitative de la diversité à différentes échelles ou niveau de gestion de la diversité.

### 3. Discussion

Nombreux auteurs ont analysé la gestion de la diversité génétique du riz à l'échelle village et rapportent la présence de plusieurs dizaines de variétés par village et de plusieurs variétés par exploitation dans différents pays d'Asie (Dennis 1987; Kshirsagar *et al.* 2002; Lambert 1985; Lando and Mak 1994; Pham *et al.* 2002; Vaughan and Chang 1992). Notre étude en Guinée confirme les données de la littérature et apporte, pour la première fois, des données quantitatives génotypiques sur la structure génétique des variétés locales de riz et sur la distribution de la diversité génotypique entre différents niveaux de gestion de la diversité : parcelle, ou « variété locale », l'exploitation agricole où sont présentes plusieurs variétés locales et le village où sont présents plusieurs exemplaires, ou accessions, de chacune des variétés du village. Les marqueurs moléculaires SSR utilisés sont les plus discriminants et les plus faciles à utiliser chez le riz (Olufowote *et al.* 1997). Le choix des deux villages et des 4 exploitations au sein de chaque village a été basé sur l'analyse préalable -1- des pratiques de gestion des variétés et des semences dans la région (Barry *et al.* 2006b) et -2- de la structuration de distribution éco-géographique de la diversité génétique du riz dans la région (Barry *et al.* 2006c). Les deux villages représentent les deux situations rizicoles les plus contrastées de la région. Il est donc possible de repositionner la diversité observée aux échelles de champ paysan, variété locale et exploitation par rapport à celle présente au niveau régional.

#### 3.1. Importance et structure de la diversité génétique intra-variétale

Les accessions de variétés locales de riz étudiées se caractérisent par un nombre élevé d'allèles par locus ( $N_a > 3$ ), un indice de diversité génique élevé ( $PIC > 0.250$ ), une hétérozygotie faible et une structure génétique de type multi-lignée ou variété composite. L'hétérogénéité des variétés locales de la Guinée a déjà été rapportée par (Portères 1956). Les individus partagent un certain nombre de caractères comme l'adaptation à l'écosystème (aquatique / pluvial) et la durée du cycle mais sont différents pour un grand nombre d'autres caractères, comme la forme des épillets. De même, l'existence d'une diversité intra variétale isozymique a été rapportée chez des variétés locales de *O. sativa* et *O. glaberrima* de la Guinée et de la Côte d'Ivoire (Miézan and Ghesquière 1986), d'Inde, du Népal et de Thaïlande (Morishima 1989). (Oka 1991) rapporte que dans certains cas, les populations de variétés locales sont plus hétérogènes que les populations de l'espèce annuelle sauvage, *O. rufipogon*. La diversité génique observée par Miézan et Ghesquière *et al.* (1986) est très inférieure (0,090) à la diversité que nous avons observée. Mais, d'une part, ces auteurs ont analysé un plus petit nombre d'individus (une dizaine) par variété, d'autre part, il est bien connu que les marqueurs microsatellites permettent de révéler une diversité plus importante que les marqueurs isozymiques (Djè *et al.* 1999). Nos données réactualisent ces informations et les quantifient avec des marqueurs microsatellites.

Des résultats similaires de diversité intra et de structure génétique composite ont été observés chez les variétés locales de sorgho prélevées dans des parcelles paysannes et analysées avec des isozymes (Ollitrault *et al.* 1997) ou des marqueurs SSR (Djè *et al.* 1999). Cependant, chez le sorgho, les statistiques  $N_a$ ,  $H_o$ , et  $PIC$  sont plus élevées que chez le riz, malgré la taille plus petite des populations étudiées. Ces différences sont à mettre en regard avec celle du niveau d'allogamie des deux espèces, bien plus importante chez le sorgho.

La structure génétique multi-lignées ou composite des variétés locales est conforme au mode de reproduction autogame du riz qui maintient les génotypes distincts par autofécondation. On

retrouve cette structure dans toutes les accessions étudiées. Mais, le nombre de génotypes par accession, fortement corrélé avec les statistiques Na et PIC, est assez variable selon les types variétaux, (majeur / mineur ; amélioré / traditionnel ; *O. sativa* / *O. glaberrima*), et selon les villages (VEI / VEP) et, pour une variété donnée, selon les accessions.

Les facteurs explicatifs de la grande diversité intra des variétés locales de riz sont multiples. L'hétérozygotie, 0.02%, semble trop faible pour constituer un facteur majeur de l'évolution de la diversité. Il en est de même pour les mutations qui sont des événements rares. Dans ces conditions, même à très faible fréquence, les allo-fécondations occasionnelles et les mutations, associées au régime d'autogamie, peuvent jouer un rôle non négligeable dans l'élargissement de la diversité intra variétale.

L'analyse des pratiques de gestion des variétés et des semences (Barry *et al.* 2006b), laisse penser que les facteurs explicatifs les plus importants sont les phénomènes de migration, de dérive génétique et de sélection.

Les migrations consistent en des mélanges involontaires entre variétés et entre accessions. Les pratiques de gestion qui favorisent ces mélanges sont dans l'ordre de l'importance -1- le battage de toutes les variétés d'une ou de plusieurs exploitations sur une même aire de battage ; -2- la monoculture du riz, spécifique du VEI, qui s'accompagne souvent de l'utilisation, en complément de la pépinière, des repousses de l'année *n-1* pour l'installation de la culture de l'année *n*, même si la variété cultivée en année *n* et en *n-1* n'est plus la même ; -3- la juxtaposition de parcelles portant des variétés différentes, particulièrement fréquente dans VEP. Les variétés améliorées, du fait de leur introduction récente, ont subi moins de mélanges et ont donc une diversité intra et inter accessions moins importantes que les variétés traditionnelles.

La dérive génétique qui intervient lors des reconductions et échanges de semences, est liée à la taille des populations. La taille de la population globale d'une variété dans un village est à considérer à au moins deux niveaux : nombre de populations cultivées et nombre d'individus par population. Le premier est déterminé par le nombre d'exploitations qui cultivent une variété une année donnée. Le second est déterminé par la superficie que chaque exploitation consacre à une variété donnée au cours d'une année. Les différences de taille de populations sont particulièrement importantes entre les variétés majeures et les variétés mineures. Ces dernières étant cultivées, en général, sur de petites surfaces par exploitation et, par définition, par un petit nombre d'exploitations. Il est donc très probable que la dérive génétique soit un facteur explicatif des différences de diversité génique et de nombre de génotypes par accession observé entre les variétés majeures et mineures. Les variétés mineures sont également moins exposées aux mélanges que les variétés majeures. Cultivées sur des surfaces plus grandes par un plus grand nombre de paysans, ces dernières variétés sont en contact au champ avec un plus grand nombre de variétés, et sont susceptibles d'accumuler de la diversité par les migrations, ou mélanges, en provenance de ces variétés.

L'effet des phénomènes de migration et de dérive est cependant modulé par la sélection exercée par les paysans. Celle-ci intervient, lorsque le niveau de mélange devient très élevé et que le lot de semence est jugé trop « sale » par le paysan. Elle est mise en œuvre soit par l'élimination des « hors type » dès le champ servant à la constitution du stock de semences, soit en échangeant le lot de semence sale avec un lot de semence propre de la même variété auprès d'un parent ou voisin. La dernière procédure, plus courante que la première, est à l'origine d'un turnover important des accessions et des variétés au sein d'une exploitation. Toutefois, cette sélection ne peut s'appliquer que sur des caractères phénotypiques visibles par l'agriculteur. La sélection par ce dernier ne peut avoir d'action sur la diversité neutre que par un éventuel effet d'entraînement.

Nos données montrent aussi des différences importantes de composition génotypique entre les accessions d'une même variété locale récoltée dans des exploitations différentes. Ces

différences peuvent être expliquées également par une différenciation à partir d'une population originelle par des phénomènes de migration et de dérive. On observe cependant des cas où un même nom de variété contient des entités génétiques extrêmement différentes. C'est par exemple le cas de la variété Djou Kème. Cette situation peut témoigner d'erreurs dans la transmission du nom des variétés lors des échanges de variétés ou de semences entre paysans d'un même village. On peut aussi suggérer que les dénominations variétales reposent sur une définition morphologique ou agronomique par les agriculteurs. Une population ayant les mêmes caractéristiques que celles groupées sous un nom donné pourra se voir attribuer ce dernier, même si elle est d'une origine génétique différente.

En terme de stratégie d'échantillonnage pour la conservation, nos résultats montrent que -1- pour capter toute la diversité d'une variété locale de riz guinéenne, définie par un nom, il convient de prélever plusieurs échantillons dans des exploitations différentes du village et -2- ces variétés contiennent une diversité intra-variétale si importante, qu'il est quasi impossible d'assurer leur conservation à travers les méthodes d'échantillonnage et de réjuvenation habituelles utilisées dans les projets de conservation *ex situ*.

### **3.2. Diversité gérée par les exploitations et partition de la diversité au sein du village**

Les résultats de l'AMOVA montrent que la diversité génétique d'un village se distribue uniquement entre et dans les accessions. Dans les deux villages, la part de la diversité entre exploitations est quasi nulle. La petite taille des échantillons par type d'exploitation ne permet pas de tester l'éventuel effet du type d'exploitation. La part de la diversité inter-accessions est plus importante dans VEP (76%) que VEI (59%). Cette différence est liée à la présence dans VEP des deux espèces cultivées *O. sativa* et *O. glaberrima*, ayant chacune des allèles et des combinaisons alléliques spécifiques. On dispose de peu de références bibliographiques sur l'importance relative de la diversité intra-accession et inter-accessions de plantes autogames. Chez le riz, Ghesquière et Miezan (1982), utilisant des marqueurs isozymiques, ont évalué la diversité intra-accession à 12% de la diversité total pour 44 variétés *O. sativa* et à 32% pour 6 variétés d'*O. glaberrima*. Mais -1- les variétés locales utilisées était d'origines géographiques beaucoup plus larges, le pays, alors que dans notre étude la zone géographique est le village, et -2- leur échantillon d'*O. sativa* incluait les 2 sous-espèces *indica* et *japonica* ce qui augmente la diversité inter-variétale.

Des répartitions intra et inter-variétales similaires ont été observées pour la diversité moléculaire des variétés locales de sorgho au Maroc (Djè *et al.* 1999). Il en est de même pour la diversité de caractères morpho-physiologiques de variétés locales d'orge en Ethiopie (Alemayehu and Parlevliet 1997). Mais dans tous ces cas la zone géographique considérée est beaucoup plus large que le village.

La partition de la diversité essentiellement entre et dans les accessions est en cohérence avec les valeurs de  $F_{ST}$ , par paires d'accession. Supérieures à 0.25 dans 90% des cas, ces valeurs indiquent des différenciations génétiques très importantes entre accessions d'une variété, entre variétés d'une même exploitation et entre les variétés du village. Le niveau de recouvrement entre la diversité intra-variétale et inter-variétale est relativement faible. Par contre le niveau de recouvrement entre la diversité inter exploitation est importante dans la mesure où une accession peut contenir jusqu'à 40% de la richesse allélique d'une exploitation de type A, et jusqu'à 75% de la richesse allélique d'une exploitation de type B.

Compte tenu de la structure composite des variétés locales et de l'importance de la diversité intra accession, la richesse génotypique  $N_g$  paraît un indicateur plus approprié de répartition quantitative de la diversité à différentes échelles de gestion (accession, exploitation, village, région), que la richesse allélique  $N_a$ .



Selon leurs tailles, les exploitations gèrent une quantité de diversité pouvant dépasser 50% de la richesse génotypique d'un village. Mais les résultats de l'AMOVA et les valeurs de  $F_{ST}$ , non significativement différentes entre paires de variétés appartenant à une même exploitation et paires de variétés appartenant à des exploitations différentes, indiquent que l'exploitation n'est pas le lieu où se crée une diversité spécifique. Ce constat est en cohérence avec le fait que -1- au sein de chaque village, toutes les exploitations sont soumises aux mêmes contraintes agro-écologiques et -2- pour une exploitation donnée, le turnover des accessions et des variétés est important (Barry *et al.* 2006b).

En terme de stratégie d'échantillonnage, ces informations indiquent que pour capter la diversité d'un village, on peut ignorer le facteur exploitation et se concentrer sur la bonne représentation de chaque variété locale. Compte tenu de l'importance de la diversité entre accessions d'une même variété prélevées dans des exploitations différentes, cette bonne représentation passe par un équilibre entre le nombre d'accession par variétés et le nombre d'individu par accession.

En conclusion, les variétés locales de riz guinéennes contiennent une diversité intra si importante qu'il est quasi impossible d'assurer leur conservation à travers des méthodes d'échantillonnage et de réjuvenation habituelles utilisées dans les projets de conservation *ex situ*. La conservation de toute les associations alléliques ou de génotypes multilocus inventoriées ne peut être envisagée que dans le cadre d'une approche *in situ*. Le fait que la diversité gérée par chaque exploitation dépend avant tout de sa taille et que chaque exploitation ne soit pas détentrice d'une diversité spécifique, constitue un atout dans perspective d'une approche *in situ*. Il semble possible d'assurer la conservation *in situ* de la richesse génotypique d'un village en travaillant avec un petit nombre d'exploitations agricoles.



## Références

Alemayehu F, Parlevliet JE (1997) Variation between and within Ethiopian barley landraces. *Euphytica* **94**, 183-189.

Altieri MA, Merrick LC (1987) In situ conservation of crop genetic resources maintenance of traditional farming systems. *Economic Botany* **41**, 86-96.

Barry MB, Pham JL, Ahmadi N (2006b) Farmer's management of rice varieties and rice seeds in maritime Guinea. Consequences for the conservation of genetic resources.

Barry MB, Pham JL, Courtois B, Noyer JL, Billot C, Ahmadi N (2006c) Eco-geographical distribution of the genetic diversity of cultivated rice (*O. sativa* & *O. glaberrima*) in maritime Guinea based on molecular markers and morpho-physiological characters. Consequences for the in situ conservation of genetic resources.

Bellon MR, Brar DS, Lu BR, Pham JL (1998) Rice genetic resources. In 'Sustainability of rice in the global food system'. (Eds N Dowling, S Greenfield and K Fischer) pp. 251-283. (International Rice Research Institute: Los Banos)

Bellon MR, Pham JL, Jackson MT (1997) Genetic conservation: a role for rice farmers. In 'Plant conservation: the in situ approach'. (Eds N Maxted, BV Ford-Lloyd and JG Hawkes) pp. 263-289. (Chapman and Hall. IPGRI: London)

Bezançon G (1995) Riziculture traditionnelle en Afrique de l'Ouest : valorisation et conservation des ressources génétiques. *Journal d'Agriculture Traditionnelle et de botanique appliquée* Revue d'Ethnobiologie, 3-23.

Bosttsstein D, RL RLW, Skolnick M, Davis RW (1980) Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American Journal of Human Genetics* **32**, 314-331.

Brush SB (1991) A farmer-based approach to conserving crop germplasm. *Economic Botany* **45**, 153-165.

Brush SB (1999) The issues of in situ conservation of crop genetic resources. In 'Genes in the field'. (Ed. S Brush) pp. 3-26. ( International Plant Genetic Resources Institute & Lewis Publishers: Rome, Ottawa)

Dennis JV (1987) Farmer management of rice variety diversity in northern Thailand. Cornell University.

Djè Y, Forcioli D, Ater M, Lefèbvre C, Vekemans X (1999) Assessing population genetic structure of sorghum landraces from North-western Morocco using allozyme and microsatellite markers. *Theoretical and Applied Genetics* **99**, 157-163.

Excoffier L, Smouse P, Quattro J (1992) Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: Application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics* **131**, 479-491.

Hawkes JR (1983) The diversity of crop plants. (Harvard University Press.)

IPGRI (1993) Diversity for development: the strategy of the international plant genetic Resources Institute. (International Plant Genetic Resources Institute: Rome)

Kshirsagar KG, Pandey S, Bellon MR (2002) Farmer Perceptions, Varietal Characteristics and Technology Adoption - A Rainfed Rice Village in Orissa. In 'Economic and Political Weekly'. pp. 1239-1246.

Lambert DH (1985) Swamp rice farming: the indigenous pahabg Malay agricultural system. (Westview Press: Boulder & London)

Lando RP, Mak S (1994) Combidian farmers decisionmaking in the choice of traditional rainfed lowland rice varieties. In 'IRRI Research paper'. pp. 15. (IRRI: Los banos)

Liu K, Muse S (2001-2004) PowerMarker: new genetic data analysis software. In (<http://www.powermarker.net>)

Luce C, Noyer JL, Tharreau D, Ahmadi N, Feyt H (2001) The use of microsatellite markers to examine the diversity of the genetic resources of rice (*Oryza sativa*) adapted to european conditions. *Acta Hort* **546**, 221-235.

Maxted N, Guarino L, Myer L, Chiwona EA (2002) Towards a methodology for on-farm conservation of plant genetic resources. *Genetic Resources and Crop Evolution* **49**, 31-46.

McKey D, Emperaire L, Elias M, Pinton F, Robert T, Desmoulière S, Rival L (2001) Gestions locales et dynamiques régionales de la diversité variétale du manioc en Amazonie. *Genet. Sci. Evol.* **3**, 465-490.

Miézan K, Ghesquière A (1986) Genetic structure of Africaib traditional rice cultivar. In 'Rice Genetics Symposium'. Los Banos, Philippines. (Ed. G Khush) pp. 91-107. (IRRI)

Morishima H (1989) Itra-population genetic diversity in landrace of rice. In 'Breeding research: the key to the survival of the earth'. Sabrao. (Eds S Iyama and F Aakeda) pp. 159-166

Oka HI (1991) A survey of within-population genetic diversity in land races and wild rices of tropical Asia. *Rice genetics Newsletters* **8**, 79.

Olfield MJ, Alcorn JB (1987) Conservation of Tradicional Agroecosystems. *Bioscience* **37**, 199-208.

Ollitrault P, Noyer JL, Chantereau J, Glaszman JC (1997) Structure génétique et dynamique des variétés traditionnelles de Sorgho au Burkina-Faso. In 'Gestion des ressources génétiques des plantes cultivées en Afrique des savanes'. Bamako-Mali. (Ed. A Begic) pp. 231-240. (IER-BRG Solagral)

Olufowote JO, Xu Y, Chen X, Park WD, Beachell HM, Dilday RH, Goto M, McCouch SR (1997) Comparative evaluation of within-cultivar variation of rice (*Oryza sativa* L.) using microsatellite and RFLP markers. *Genome* **40**, 370-378.

Perrier X, Flori A, Bonnot F (2003) Data analysis methods. In 'Genetic diversity of cultivated tropical plants'. (Eds P Hamon, M Seguin, X Perrier and JC Glaszmannpp) pp. 43-76. (Enfield, Science Publishers: Montpellier)

Pham JL, Morin SR, Almekinders C, Boff WD (Eds) (2000) 'Approach to in situ conservation on-farm by the International Rice Genebank.' Encouraging Diversity : the Conservation and Development of Plant Genetic Resources (Intermediate Technology Publications.: London, UK)

Pham JL, Morin SR, Sebastian LS, Abrigo GA, Calibo MA, Quilloy SM, Hipolito L, Jackson MT (2002) Rice, farmers and Genbanks: a case study in the Cagayan vally, Philippines. In 'Managing plant genetic resources'. (Eds JMM Engels, AHD Brown and MT Jackson) pp. 149-159. (CAB International: London)

Portères R (1956) Taxonomie agrobotanique des riz cultivés *O. sativa* Linné et *O. glaberrima* Steudel. *Journal d'Agriculture Tropical et de Botanique Appliquées* 4.

Risterucci AM, Grivet L, N'Goran JAL, Pieretti I, Flament MH, Lanaud C (2000) A high-density linkage map of *Theobroma cacao* L. *Theor Appl Genet* 101, 1176-1182.

Saitou N, Nei M (1987) The neighbor-joining method : a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology Evolution* 4, 406-425.

Salick J, Cellinese N, Knapp S (1997) Indigenous diversity of cassava: generation, maintenance, use and loss among the Amuesha, Peruvian Upper Amazon. *Economic Botany* 51.

Schneider S, Roessli D, Excoffier L (2000) Arlequin : A software for population genetics data analysis. In. (Genetics and Biometry Laboratory, Dept. of Anthropology, University: Geneva, Switzerland)

Tin HQ, Berg T, Bjornstad A (2001) Diversity and adaptation in rice varieties under static (ex situ) and dynamic (in situ) management A case study in the Mekong Delta, Vietnam. *Euphytica* 122, 491-502.

Vaughan DA, Chang TT (1992) *In situ* conservation of rice genetic resources. *Economic Botany* 46, 368-383.

Wood D, Lenné JM (1999) Agrobiodiversity: characterization, utilization and management. (CABI Publishing: Wallingford, UK:)

Wright S (1931) Evoution in Mendelian population. *Genetics* 16.

Wright S (1978) Evolution and the genetics of populations. In 'Variability within and among natural population.' (University of Chicago Press: Chicago)

## **CHAPITRE VII :**

**ANALYSE DE L'EVOLUTION TEMPORELLE (1979/82 – 2003) DE LA  
DIVERSITE GENETIQUE DU RIZ DANS 6 VILLAGES DE LA GUINEE  
MARITIME BASEE SUR LES NOMS DES VARIETES ET LES MARQUEURS  
MOLECULAIRES**

## **CHAPITRE VII : ANALYSE DE L'EVOLUTION TEMPORELLE (1979/82 – 2003) DE LA DIVERSITE GENETIQUE DU RIZ DANS 6 VILLAGES DE LA GUINEE MARITIME BASEE SUR LES NOMS DES VARIETES ET LES MARQUEURS MOLECULAIRES**

Barry M.B<sup>1</sup>, Ahmadi N<sup>2</sup>, Béavogui S<sup>1</sup>, Ghesquière A<sup>3</sup>, Pham J.L<sup>4</sup>

1 : Institut de Recherche Agronomique de Guinée, PB 1523, Conakry, Guinée.

2 : UR Peuplements de riz, CIRAD, TA70/03, Av Agropolis, 34398 Montpellier Cedex 5, France.

3 : Génomique appliquée au riz et au manioc IRD, Av Agropolis, 34398 Montpellier Cedex 5, France.

4 : UMR DGPC/ IRD, Av Agropolis, 34398 Montpellier Cedex 5, France.

### **Introduction**

Les pressions qui pèsent sur la diversité biologique (Millenium Ecosystem Assessment, 2005) rendent nécessaire un meilleur suivi de cette dernière. Mieux connaître les changements en cours est indispensable pour détecter des évolutions défavorables et établir des priorités de conservation. Un tel suivi est également utile pour évaluer l'impact de politiques de conservation.

Ceci s'applique aussi à cette fraction de la biodiversité que sont les ressources génétiques des plantes cultivées. L'érosion de la diversité dans les agrosystèmes joue à trois niveaux. « Moins d'espèces cultivées, moins de variétés cultivées par espèce, moins de diversité dans chaque variété » écrivait Pernès. Ce constat général nécessite aujourd'hui d'être documenté, au delà des perceptions subjectives. L'importance donnée au cours des dernières années à la conservation à la ferme des plantes cultivées comme complément des stratégies classiques de conservation ex situ implique de disposer d'une image dynamique de la diversité in situ à la ferme, pour mieux identifier les zones où cette conservation est appropriée et concevoir et cibler les interventions requises.

Evaluer les changements de diversité génétique intervenus dans les agrosystèmes nécessite de pouvoir comparer la situation au temps t<sub>0</sub> avec celles aux temps ultérieurs. La comparaison peut se fonder sur différentes mesures de la diversité : diversité spécifique, diversité variétale, diversité agromorphologique, diversité moléculaire. Ces trois derniers indicateurs de diversité intraspécifique ont des avantages et des inconvénients. La diversité variétale est aisée à mesurer mais n'est pas un reflet exact de la diversité génétique, notamment en raison des questions sur la consistance des noms de variétés locales (relation non univoque entre identité génétique et nom de variété). La diversité agromorphologique nous informe sur une diversité d'intérêt agronomique, mais est difficile à mesurer sur des grands échantillons issus de conditions agroécologiques variées et est de plus impossible à appréhender dans toute sa complexité (caractères morphologiques, tolérance à des stress biotiques ou abiotiques, qualités organoleptiques, etc). La diversité moléculaire est mesurable de façon répétable, indépendante des conditions environnementales, mais les marqueurs aujourd'hui disponibles dans la majorité des espèces sont des marqueurs neutres qui ne reflètent pas la diversité adaptative, notamment à des échelles géographiques faibles.

La comparaison diachronique nécessite aussi de disposer de données de même nature et à une échelle similaire pour les différentes époques comparées, ou alors d'être capable d'inférer la diversité à un niveau donné à partir de la connaissance d'autres indicateurs (par exemple, inférer la diversité moléculaire à partir de données sur la distribution écogéographique de groupes variétaux de caractéristiques génétiques bien définies, ou utiliser une situation similaire par ses caractéristiques agroécologiques et socioéconomiques).

Ces difficultés méthodologiques expliquent que peu d'études se soient attachées à mesurer l'érosion génétique. Les études fondées sur la richesse spécifique ou la richesse variétale (Hammer et al., 1996 ; Oka, 1975 ; Fowler et Mooney, 1990 ; Peroni et Hanazaki, 2002) ont le plus souvent conclu à l'érosion génétique. Brush (1999) rappelle qu'il faut intégrer gain et perte de diversité, et non se focaliser sur cette seule dernière. Les rares études utilisant les marqueurs moléculaires concluent moins fréquemment à l'érosion génétique. Ainsi, Martos et al. (2005) utilisant les AFLP concluent au maintien entre 1945 et 2000 de la diversité génétique du blé en Italie et en Espagne. Tin et al. (2001) ont également montré une relative stabilité de la diversité isoenzymatique entre accessions de riz cultivé au Vietnam conservées ex situ et in situ.

Les collections des banques de gènes sont pour les plantes cultivées une opportunité unique d'obtenir une image de la diversité in situ au moment de la constitution de ces collections, sous réserve que l'échantillonnage ait alors été réalisé correctement et que la conservation n'ait ensuite pas détérioré cette image initiale.

L'objectif de notre travail a été d'évaluer la possibilité d'utiliser ces collections pour estimer les changements intervenus dans la diversité des riz en Guinée maritime à environ 20 ans d'intervalle, entre 1979-1982, années de constitution des collections, et 2003.

Nous présentons dans cet article une analyse diachronique de la diversité des variétés de riz dans 6 villages de Guinée maritime, révélée par l'inventaire des variétés cultivées et l'étude de la diversité moléculaire inter et intra-variétale à des locus microsatellites. Nous abordons l'étude de la diversité à l'échelle inter et intra variétale.

## **1. Matériels et méthodes**

### **1.1. Périodes et Sites d'étude**

Les 2 dates de référence pour l'analyse diachronique sont 1979/82 et 2003. La première date correspond à 2 campagnes de collecte réalisées en 1979 (Bezançon et Koffi, 1979) et en 1982 (de Kochko et Koffi, 1982) par l'ORSTOM, l'IRAT et l'IDESSA, dans le cadre du programme de collectes de ressources génétiques promues par la FAO. Nous référerons à ces collectes sous la dénomination collectes 1979/82. La seconde date correspond à des collectes réalisées par nous en 2003.

Les sites d'étude sont 6 villages de Guinée maritime : Kifinda, Kaboguessy, Thia, Kibola, Boffa centre et Meyenhouré. Les trois premiers font partie d'un échantillon de 15 villages ayant servi à l'analyse de la diversité du riz en Guinée maritime (Barry et al. 2006c ; 2006d). Les 3 derniers ont été tirés au hasard, spécifiquement pour cette étude, parmi les villages de collectes 1979/82. Le village de Kifinda a fait l'objet d'une étude plus approfondie.

### **1.2. Modalité de collecte des échantillons**

Pour les collectes 1979/82, on dispose de peu d'information sur les modalités de collecte. On sais seulement que l'équipe de collecte arrivait dans les villages sans préavis, passait en moyenne 1-2 h dans chaque village, faisait un inventaire rapide des variétés du village et procédait à un prélèvement par variété traditionnelle identifiées. L'objectif était plutôt la couverture de la diversité régionale que la collecte systématique de toutes les variétés de chaque village (Charrier, Com.pers.). On dispose donc pour chaque village d'une liste de

variétés pour lesquelles un échantillon a été collecté. Les modalités du prélèvement, en vrac ou en panicule, ne sont pas connues.

Les collectes 2003 ont été précédées par une enquête collective pour établir la liste exhaustive des variétés cultivées dans chaque village en 2003. A la fin de la séance d'enquête, pour chaque variété inventoriée un échantillon de 50g a été prélevé à partir d'échantillons de plus grande taille apportés en vrac par les paysans. Les variétés pour les quelles plusieurs paysans avaient apportés un échantillon ont été échantillonnées plusieurs fois. Dans ce qui suit on se référera à ces échantillons comme accessions d'une même variétés.

Pour le village de Kifinda, en plus de l'inventaire 2003, une liste des variétés cultivées en 1979 (date de la première collecte) a aussi été établie, lors d'une séance d'enquête collective spécifiquement consacrée à ce sujet. Pour ce faire, le changement de régime politique en Guinée en 1984 a été utilisé comme année de repère.

**Tableau VII- 1:** List of varieties common to 1979/82 and 2003 collects and number of accession per variety collected in 2003

Villages	Varieties	Species	Varieties collected 79/82	Varieties and accessions 2003a
Kaboguessy	Baga-Malé	OG.	1	3
	Alaya (Kab)	OS	1	1
	Phom	OS	1	1
	Mafoudia	OS	1	1
Kibola	Alaya (Kib)	OS	1	2
Meyenkhourè	Malé-Forè (Mey)	OG	1	1
	Ségué-Malè	OG	1	1
Kifinda	Kinsampena	OS	1	3
	Katako	OS	1	2
Thia	Malè-Forè (Thia)	OG	1	3
Boffa Centre	Mamousso	OS	1	1
	Kaoulaka-Gbeli	OS	1	2
Total			12	21

OS: *Oryza sativa*; OG: *Oryza glaberrima*; a: in 2003, for some varieties several accessions belonging to different farmers have been collected in the same village.

### 1.3. Matériel végétal

Pour chaque village, sauf Kifinda, les variétés soumises aux analyses moléculaires sont celles présentes dans le village aux 2 dates de collecte (Tableau VII-1). Pour le village de Kifinda, toutes les variétés collectées en 1979/82 et en 2003 sont analysées (Tableau VII-2). Les échantillons des collectes 1979/82 ont été prélevés sur les échantillons originaux (non régénérés) conservés en chambre froide à l'IRD Montpellier (France) sous forme de vrac. Les échantillons des Collectes 2003 proviennent de nos propres collectes, conservées au Cirad, Montpellier.

Pour les collectes 2003, chaque variété ou accession est représentée par 27 individus. Pour les collectes 1979/82, ce nombre varie de 9 à 21 selon la disponibilité en semences. Dans le cas du village de Kifinda, 2 variétés de la collecte 1979/82, parmi 10, n'ont pas pu être étudiée faute de disponibilité en semence.

**Tableau VII- 2:** List of rice varieties present in Kifinda village in 1979/82 and in 2003.

N°	List of rice varieties present in 1979/82		List of rice varieties present in 2003	
	Inventoried	Collected	Inventoried	Collected
1	Baga-Malé (OG)	Baga-Malé (O G)	B30D2 (I)	B30D2 (I)
2	Fodè Linsény	-	BA8A (I)	BA8A (I)
3	Guinèkobi	-	Balanta	Balanta
4	Kaback	Kaback	Barka-Madina	Barka-Madina
5	<b>Katako</b>	<b>Katako</b>	Bjogoya	Bjogoya
6	<b>Kinsampéna</b>	<b>Kinsampéna</b>	Kaoulaka	Kaoulaka
7	Kobaya	Kobaya	<b>Katako</b>	<b>Katako</b>
8	Mafoudia	-	Khobè-Gbeli	Khobè-Gbeli
9	Mambambé	-	<b>Kinsampéna</b>	<b>Kinsampéna</b>
10	Mamousso	-	Kissozzo	Kissozzo
11	Manaré	Manaré	Kkobè	Kkobè
12	Mandéka	-	Koba	Koba
13	Missi Missi	Missi Missi	Lakhatanyi	Mandeka
14	Parkomen	-	Mabinty	Manènè
15	Tankoro Fickè	-	Mandeka	-
16	Tankoro Forè	-	Manènè	-
17	Wereya	Wereya	Matini	-
18	Yaka	Yaka	Rok5 (I)	Rok5 (I)
19	Yölon Yölon	Yölon Yölon	Tamba-Yeguety	Tamba-Yeguety
20			Tankoro	Tankoro
21			War73 (I)	War73 (I)
22			War77 (I)	War77 (I)
23			Yampony	Yampony
Total	19	8	23	20

OG : *O. glaberrima* varieties; I : improved varieties; **Nam with Bold character**: varieties common to 1979/82 and 2003 collects.

#### 1.4. Génotypage

L'ADN total de chaque individu a été extrait selon la méthode MATAB décrit par Risterucci et al. (2000). L'amplification des ADN a été réalisée par Polymerase Chain Reaction (PCR) dans des plaques de 384 puits avec des thermocycleurs de type Mastercycler (Eppendorf) ou DYAD (MJ Research). Les produits PCR ont été mis à migrer en multiplex (deux couples d'amorces) sur gel d'acrylamide (7% ou 8%) avec un séquenceur automatique de type Licor IR<sup>2</sup> (Plate-forme de génotypage de la Génopole Montpellier Languedoc Roussillon, hébergée au sein de l'UMR PIA du CIRAD).

Le génotype de chaque individu a été déterminé au niveau de 10 locus microsatellites choisis pour leur polymorphisme élevé (Luce et al. 2001 ; Simon Mandé, comm. pers.) : RM1, RM7, RM11, RM21, RM122, RM164, RM168, RM224, RM229 et RM332.

#### 1.5. Analyse des données

Pour chaque accession les statistiques : nombre d'allèles par locus (Na), hétérozygotie observée (Ho) et de Polymorphisme information content (PIC) ont été calculés avec le logiciel Power-marker. La diversité génétique intra-accession des accessions homonymes collectées dans un même village aux 2 dates de collecte a été comparé par analyse de variance à l'aide du logiciel SAS. Le nombre d'individus génotypés pour les accessions de 1979/82 étant



variables et inférieur à celui des accessions de 2003, pour limiter l'effet de cette différence de taille d'échantillon, le nombre d'individus entre accessions homonymes a été égalisé en choisissant de manière aléatoire autant d'individus dans l'accession de 2003 qu'il y avait d'individus dans l'accession 1979/82. La différenciation génétique entre accessions homonymes a été déterminée par le  $F_{ST}$  (Wright 1931) par paire d'accessions grâce au logiciel Arlequin version 2.000.

**Tableau VII- 3:** Number of rice varieties inventoried in 6 villages of Maritimes Guinea during two camagne of collects in 1979/82 and in 2003.

Village	Ecosystem	Species	Number of varieties inventoried		Evolution of the number of varieties inventoried (%)	
			1979/82a	2003	Village	Ecosystem
Kaboguessy	LL	OS	10	16	+ 54.5	+ 84.4
		OG	1	1		
Kibola	LL	OS	10	18	+ 72.7	
		OG	1	1		
Kifinda	LL	OS	9	23	+ 130.0	
		OG	1	0		
Boffa	UL	OS	11	15	+ 30.8	
		OG	2	2		
Meyenkhouré	UL	OS	3	5	+ 28.6	
		OG	4	4		
Thia	UL	OS	6	4	- 36.4	
		OG	5	3		
Mean		OS	8.17	13.50	+ 65.3	
		OG	2.33	1.83	- 21.4	
Total			63.00	92.00	+ 46.0	

LL: Lowland ecosystem; UL: Upland ecosystem; OS: *Oryza sativa*; OG: *Oryza glaberrima*

Dans le village de Kifinda, la diversité totale des Collecte 1979/82 et 2003, ont été comparées à l'aide des paramètres  $N_a$ ,  $H_o$  et PIC, en utilisant le logiciel Power Marker version 3.20 (Liu and Muse, 2004). La diversité moyenne intra variétale, des collectes 1979/82 et 2003 a été comparée à l'aide de  $N_a$ ,  $H_o$  et l'hétérozygotie attendue ( $H_s$ ) de chaque variété en utilisant logiciel FSTAT (Goudet, 1995) qui corrige la différence de taille des échantillons par échantillonnage aléatoire.

## 2. Résultats

### 2.1. Nombre de variétés par village et variétés communes aux 2 dates de collecte

Le nombre total de variétés recensées et collectées en 2003 dans chaque village est en moyenne supérieur de 46% au nombre de variétés recensées en 1979/82 (Tableau VII-3). Il faut cependant noter que les chiffres de 1979/82 sont une estimation à partir du nombre de variétés collectées. Par ailleurs les moyennes couvrent des situations assez contrastées selon les villages (évolution de - 36 à + 130%), selon l'espèce de riz cultivé (- 21% pour le nombre de variétés *O. glaberrima* et + 65% pour les variétés *O. sativa*) et selon les écosystèmes, 6% en écosystème pluvial et 84% en écosystème inondée.

La comparaison des noms de variétés collectées dans chaque village en 1979/82 et en 2003 a permis d'identifier les variétés communes ou homonymes aux deux dates de collecte. Dans chaque village au moins une variété commune a pu être identifiée. Le nombre total de variétés communes aux deux dates de collecte est de 12 seulement (Tableau VII-1).

Dans le village de Kifinda, 23 variétés ont été recensées en 2003 (Tableau VII-2) et 20 d'entre elles ont été collectées. Le recensement à posteriori, en 2003, des variétés présentes dans le village en 1979, a abouti à 19 noms. Parmi eux seulement 10 ont été collectés par la mission de prospection de Bezançon et Koffi, (1979). Il semblerait donc que la collecte 1979 n'ait recensé et prélevé qu'environ 50% des variétés présente dans le village. La composition variétale a très fortement évoluée entre les 2 dates de collecte. On ne trouve que 2 variétés communes aux 2 dates. L'unique variété d'*O. glaberrima* (Bagas Malé) et un grands nombre de variétés *O. sativa* à cycle long présentes en 1979 ont été abandonnées. Le village a introduit plusieurs variétés *O. sativa* améliorés.

### 2.2. Diversité génétique au niveau des 6 villages

Pour les 6 villages on dispose d'un total de 12 variétés présentes aux 2 dates de collectes. Pour 6 de ces variétés, 2 ou 3 copies (accessions) ont été collectées en 2003 chez 2 ou 3 différents paysans du même village (Tableau VII-1). On dispose ainsi de 21 paires d'accessions homonymes et on peut effectuer 21 comparaisons 2 à 2 entre les collectes 1979/82 et 2003.

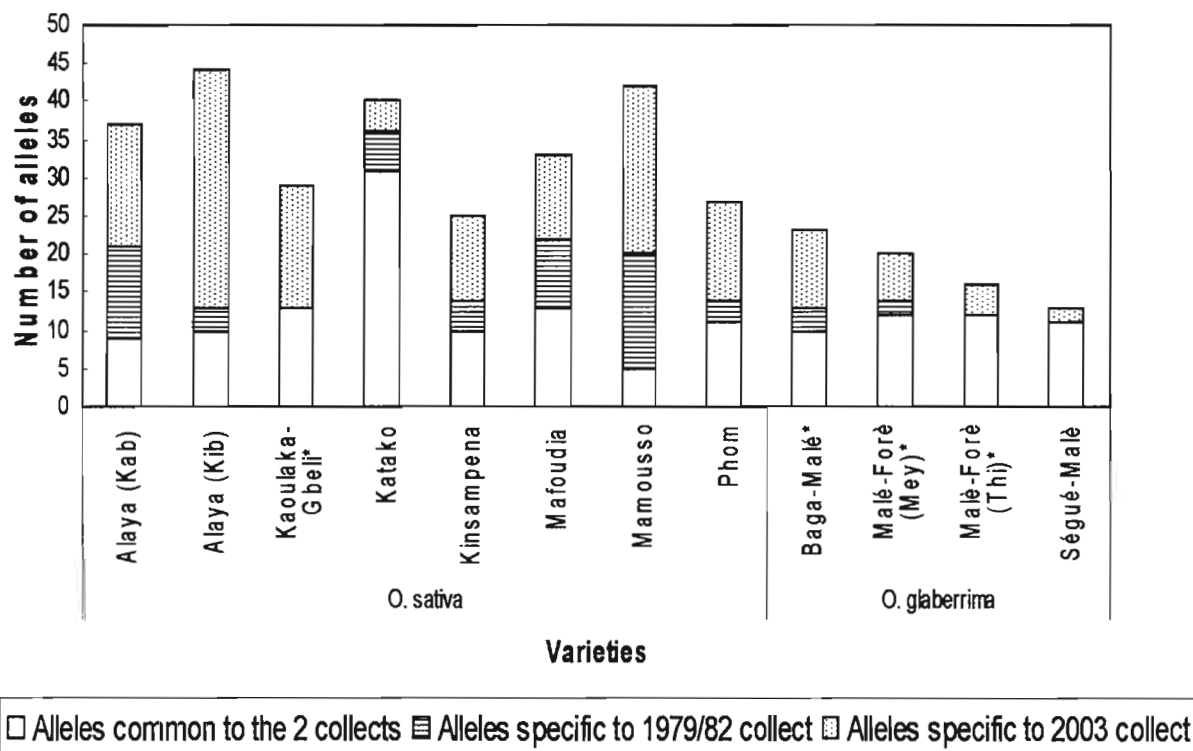
Le nombre moyen d'allèles par locus et par accession ( $N_a$ ) est de 1.62 pour les 10 accessions des Collectes 1979/82 et de 2.78 pour les 21 accessions de 2003. Cette différence est très significative ( $p < 0.0001$ ). Il en est de même pour le PIC, respectivement 0.255 et 0.134. La différenciation génétique entre les populations des accessions des 2 collectes, est faible, mais significatif :  $F_{ST} = 0.047$ ,  $p < 0.0001$ .

Les comparaisons 2 à 2, des moyennes de nombre moyen d'allèles par locus, dans les 21 paires d'accessions homonymes indiquent une plus grande diversité intra accession pour les collectes 2003. Dans plus de 80 % des paires de comparaisons les moyennes des  $N_a$  et des PIC des accessions 2003 sont significativement supérieures à celles de leur homonyme de 1979/82. Une seule accession 1979/82 montre une moyenne de  $N_a$  supérieure à son homonyme 2003.

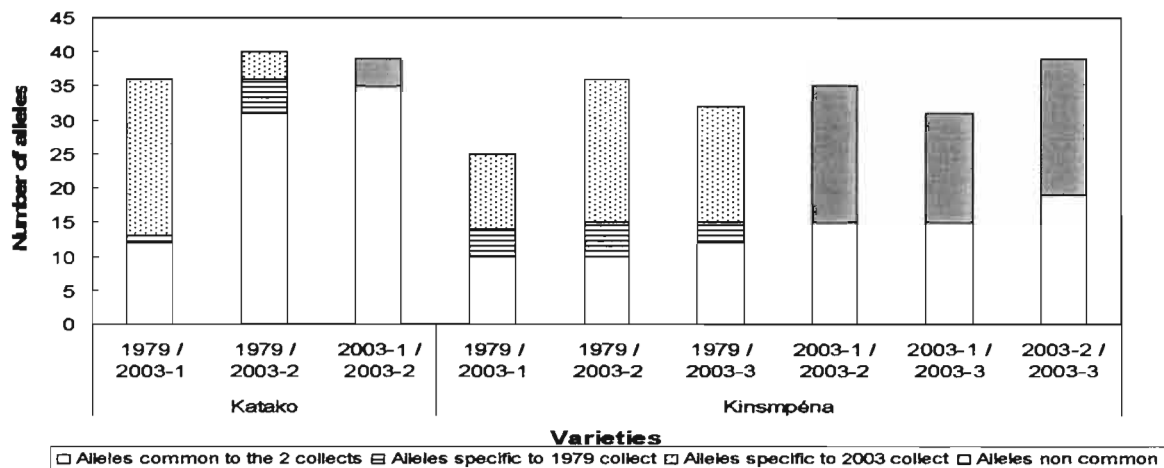
**Tableau VII- 4:** Distribution of  $F_{ST}$  of homonymous pairs of accessions.

Periods of collect compared	Number of pair of accessions compared	Number of $F_{ST}$ in different classes of genetic differentiation (a)				Number of significant $F_{ST}$	Mean value of $F_{ST}$
		<0.05	0.05 à 0.15	0.16 à 0.25	>0.25		
1979/82 & 2003	21	0	3	1	17	17	0.494
2003 & 2003	12	2	2	2	6	6	0.206

(a): Wright (1978) propose the following of classification of  $F_{ST}$  values :  $0 < F_{ST} < 0.05$  : low genetic differentiation between the two population;  $0.05 < F_{ST} < 0.15$  moderate;  $0.15 < F_{ST} < 0.25$  important;  $F_{ST} > 0.25$ , very important.



**Figure VII- 1:** Comparison of the allelic composition of homonymous varieties collected in 1979/82 and in 2003. Names followed by an \* indicated non significant  $F_{ST}$  between the 2 dates of collect.



**Figure VII- 2:** Comparison of the allelic composition of homonymous accessions of 2 varieties collected in 1979 and in 2003 in the Kifinda village. Numbers after the year 2003, identify different accessions of the variety collected in 2003.

**Tableau VII- 5:** Genetic diversity of the rice varieties collected in 1979/82 and in 2003 in the Kifinda village.

Periods of collect	Number of accessions	Mean number of plant per accession	Na	Ho	Hs	Moyennes des Fst
1979/82	8	19	1.7	0.03	0.275	0.623
2003	20	27	2.5	0.03	0.202	0.737
Probabilité			0.025*	0.955	0.265	0.210

Na: number of allele per locus; Ho: degree of heterozygosity observe; Hs: degree of heterozygosity expected; \*: the difference between the 1979/82 and 2003 values is significant

La distribution des valeur de  $F_{ST}$  par paire d'accessions homonymes 1979/82/2003 dans les 4 classes de différenciation génétique définie par Wright (1978) montre que plus de 90% des valeurs de  $F_{ST}$  était significativement différents de 0 et que plus de 80% des paires d'accessions avaient une différenciation très importante ( $F_{ST} > 0.25$ ). En comparaison, les valeurs de  $F_{ST}$  sont beaucoup moins importantes entre les paires d'accessions homonymes de collectées en 2003 ; et seulement 50% d'entre elles sont significativement différents de 0 (Tableau VII-4). Parmi les 21 paires d'accessions comparées, seulement quatre montrent des différenciations non significatives dont 3 chez *O. glaberrima* et une chez *O. sativa*.

Nous avons comparé 2 à 2 la composition allélique entre les 12 paires de variétés homonymes 1979/82 et 2003, tirant au hasard une des accessions de la collecte 2003. En moyenne, 47% des allèles inventoriés pour les 10 locus étudiées sont communs, 14% sont spécifiques de 1979/82 et 39% sont spécifiques de 2003. Les proportions sont variables selon les variétés et la proportion d'allèles spécifiques aux accessions collectées en 1979/82 est particulièrement faible pour les variétés *O. glaberrima*, de 0 à 13% seulement (Figure VII- 1). Il est à noter que ces variétés sont aussi celles pour lesquelles la différenciations entre accessions des 2 collectes n'est pas significative : Baga-Malé, Malé-Forè –Mey et Malé-Forè-Thi. Ainsi, si l'on considère que les allèles spécifiques de 1979/82 sont une perte de diversité et les allèles spécifiques de 2003 un gain de diversité entre les 2 période de collecte, le bilan de l'évolution est positif pour toutes les paires de variétés sauf un, la variété Katako dans le village de Kifinda. Cependant, l'analyse des fréquences alléliques indique que les allèles acquis et

perdus sont tous d'une fréquence ne dépassant pas 20 % (Figure VII- 2) alors que, plus de 80% des allèles communs entre 1879/82 et 2003 ont une fréquence, élevé, dépassant les 20 %.

### **2.3. Diversité génétique dans le village de Kifinda**

Le nombre moyen d'allèle par locus est de 6 pour les 8 variétés de la collecte 1979, contre 11 pour les 20 variétés de la collecte 2003. Les valeurs de PIC sont identique, 0.656 et 0.671 respectivement. Il en est de même pour le  $H_o$ , 1.3% et 1.5%. Le nombre moyen d'allèles par locus et par variété est de 1,7 pour les 8 variétés de 1979/82 et de 2.5 pour 20 variétés de 2003. La différence est significative (Tableau VII-5). Par contre les valeurs de  $H_o$  et le  $H_s$  ne sont pas significativement différentes. La richesse allélique du village est donc plus grande en 2003, par rapport à 1979, non seulement du fait du nombre plus élevé de variétés mais aussi du fait de la plus grande diversité intra variétale en 2003.

La différenciation ( $F_{ST}$ ) globale entre les variétés présentes dans le village en 1979 et celles présente en 2003 est très élevée (0.690) et significative ( $p < 0.001$ ) lorsque toutes les variétés sont considérées ; elle est faible (0.071) mais encore significative ( $p < 0.001$ ) lorsque l'on considère seulement les variétés communes aux 2 collectes. Par contre, le niveau de différenciation entre les variétés de 1979 (0,623) et celui entre les variétés de 2003 (0,737) ne sont pas différents (Tableau VII-5).

La comparaison de la composition allélique entre accessions homonymes des 2 dates de collecte indique qu'en moyenne, 43% des allèles inventoriés sont communs, 11% sont spécifiques de 1979 et 46% sont spécifiques de 2003 (Figure VII- 3). Pour la variété Kinsmpéna la proportion d'allèles communs 1979/2003 est celle d'allèles communs entre les 3 accessions de la variétés collectées en 2003. Pour la variété Katako, la proportion d'allèles communs 1979/2003 est beaucoup plus faible que celle d'allèles communs entre les 2 accessions de la variété collectées en 2003. Ces données confirment le gain de diversité intra variétale entre 1979 et 2003 dans le village de Kifinda.

### 3. Discussion

L'évolution de la diversité moléculaire du riz en Guinée maritime a été étudiée dans 6 villages par la comparaison entre accessions collectées en 1979/82 conservées ex situ, et accessions collectées en 2003.

#### 3.1. Relation entre diversité génétique, nombre de variétés collectées et nombre de variétés recensées

La comparaison des listes de variétés collectées en 1979/82 et 2003 montrent qu'au cours du temps, le nombre de variétés d'*O. sativa* cultivées par village a augmenté et celui des variétés d'*O. glaberrima* a diminué. Un seul des 6 villages enquêtés a montré une diminution du nombre de variétés cultivées, diminution provoquée par une évolution des systèmes de production à base de riz vers des systèmes de production à base d'arachide causée par la baisse de la fertilité des sols.

Cette observation d'une augmentation de la richesse variétale va dans le sens d'une étude conduite dans les 4 régions naturelles de la Guinée qui a également montré que le nombre de variétés cultivées par village a augmenté d'environ 20 % entre 1996 et 2001 (Barry et al. 2006d). Cette augmentation semble s'expliquer par l'accroissement du nombre de riziculteurs et des surfaces cultivées en riz.

Néanmoins, il convient de rester prudent quant à la quantification de cette augmentation. Nous montrons en effet un décalage important entre le nombre de variétés collectées et celui recensées par enquête rétrospective. Deux hypothèses non exclusives peuvent expliquer ce décalage.

La première est la faible fiabilité des enquêtes rétrospectives. Se souvenir des variétés cultivées il y a une vingtaine d'années n'est pas facile, même pour des communautés à forte tradition rizicole. Cette difficulté est augmentée parce que le turn over variétal est rapide, comme en témoigne le faible nombre de variétés cultivées en 79/82 retrouvées en 2003, et déjà noté par Barry et al. (2006b) dans leur étude sur la gestion des variétés et des semences en Guinée maritime. On ne peut savoir si cette difficulté entraîne une majoration ou minoration du nombre de variétés citées. Il faut cependant noter que lors des enquêtes de 2003, les paysans ont déclaré unanimement qu'il y avait plus de variétés alors que dans les années 1979/82. Il apparaît donc vraisemblable que l'augmentation de la richesse variétale, au cours des vingt dernières années, soit réelle.

La seconde hypothèse est que la prospection de 2003 ait été plus intense que celle de 1979/82. En effet, un temps important a été consacré à la prospection de 2003 au cours de laquelle un inventaire exhaustif des variétés cultivées dans chaque village a précédé la collecte du matériel génétique. Celle-ci a été faite en deux ou trois passages dans le but d'obtenir un échantillon de chacune des variétés inventoriées. La prospection de 1979/82 a été faite de manière rapide, un village n'a pu être visité qu'une seule fois par la mission qui pouvait parcourir jusqu'à 8 villages en une seule journée, c'est le cas par exemple du 7 décembre 1982 (de Kochko A. et Koffi G., 1982). Une variété collectée dans un village pouvait ne pas être échantillonnée dans un autre village et les variétés améliorées n'étaient pas échantillonnées (Charrier, comm. pers.). En d'autres termes, les prospections 79/82 ont davantage recherché à représenter la richesse variétale au niveau régional ou national qu'au niveau village.

Ceci a donc des conséquences sur le type d'analyse génétique qui peut être menée. Nos résultats au niveau du seul village de Kifinda sur la stabilité de la diversité génétique doivent être considérés à titre indicatif, la diversité représentée par les accessions de 1979 étant probablement sous-pondérée. Cependant l'augmentation de la richesse allélique observée à

Kifinda est également observée de façon générale dans l'ensemble des villages au niveau intra-accession.

### **3.2. Différenciation des variétés au cours du temps**

La différenciation génétique observée entre accessions homonymes collectées en 79/82 et en 2003 est marquée. D'une manière très générale, celles collectées en 2003 ont une diversité allélique plus importante que celles collectées en 1979/82.

D'un point de vue méthodologique, il aurait été préférable de collecter les accessions homonymes chez un même agriculteur à deux décennies d'écart. Cependant, que les accessions comparées proviennent d'agriculteurs différents ne saurait expliquer de façon satisfaisante une augmentation générale de la diversité intra-accession au cours du temps. Par ailleurs, nos résultats montrent une différenciation génétique moins forte entre accessions homonymes collectées en 2003 qu'entre accessions 1979/82 vs. 2003.

Il ne nous est pas possible d'exclure que les différences observées soient liées aux différences de mode de prélèvement et traitement des accessions. Dans une étude conduite sur des espèces sauvages apparentées à la pomme de terre cultivée, del Rio et al. (1997) suggèrent ainsi que la différenciation génétique significative entre échantillons conservés en banque de gènes et échantillons ré-collectés dans les champs des agriculteurs soit explicable par des différences dans les modes de collecte aux époques comparées. Dans notre étude, les échantillons analysés dans cette étude sont tous issus de vracs de grains, sans tri, des greniers des agriculteurs. Mais on ne sait pas si ceux de 1979/82 sont issus du même processus, ou s'ils proviennent de l'égrenage de panicules ayant fait l'objet d'un tri au moment de la prospection pour le morphotype. Une telle méthode de collecte en 1979/82 pourrait avoir eu pour effet de diminuer la richesse allélique de ces accessions. Néanmoins, il paraît difficile d'attribuer toute la différence de richesse allélique observée pour une majorité de paires d'accessions homonymes à cet éventuel processus de purification des échantillons issus de la première collecte, celui-ci n'ayant pour effet que d'éliminer les plantes hors-types généralement en faible fréquence.

L'augmentation de richesse allélique intra-accession observée en 2003 peut s'expliquer par l'augmentation du nombre de variétés cultivées au cours des dernières décennies. Les pratiques de gestion des variétés et des semences observées dans la région supportent cette hypothèse. En effet, les possibilités de migration sont importantes, du fait par exemple que les agriculteurs cultivent chaque année plusieurs variétés, les unes à côté des autres, dans la même parcelle, ou dans des parcelles proches, battent différentes variétés dans la même aire et intègrent les repousses issues des cultures précédentes (Barry et al. 2006b). La sélection des semences est très peu courante et la taille de la population (quantité de semences utilisée) est relativement élevée, ce qui limite la perte de diversité intra variétale au fil des générations par dérive génétique. Dans un tel processus, on attend que la richesse allélique d'une population augmente avec son âge, ce qui semble être le cas (Barry et al, 2006e).

## **Conclusion**

Notre étude illustre les difficultés méthodologiques liées à l'estimation des changements de diversité génétique *in situ*. Elles sont dans notre cas essentiellement dues à l'image vraisemblablement imparfaite de la diversité il y a 25 ans offerte par les collections.

Néanmoins, ces collections de ressources génétiques sont pour la plupart des plantes cultivées les seuls témoignages de la diversité passée. Il importe donc de développer des méthodes permettant de les utiliser à des fins de suivi de la diversité. Notre étude montre que la notion d'échelle doit être considérée avec soin. Si l'analyse de la diversité au niveau d'un village (Kifinda) ne donne qu'une indication de stabilité dans notre cas, l'analyse de la variabilité

moléculaire intra-accession a permis de conclure à une augmentation de la richesse allélique compatible avec l'augmentation observée de la richesse variétale.

Ces résultats suggèrent que la diversité génétique des riz *O. sativa* cultivés en Guinée Maritime se maintient, voire s'enrichit. Cette conclusion va à l'encontre d'une vision souvent alarmiste de l'érosion génétique. Elle rejoint celle d'une étude menée au Niger sur la diversité des mils et des sorghos cultivés, qui conclut également à une stabilité d'ensemble entre 1976 et 2003 de la diversité révélée par marqueurs microsatellites (Bezançon et al. 2005). Il serait intéressant, comme dans cette étude, de procéder à une analyse comparatrice des changements intervenus au niveau des caractères agromorphologiques potentiellement soumis à la sélection naturelle et humaine.



## Références

- Barry M.B., Diange A., Sogbossi M.J., Pham J.L., Diawara S. & Ahmadi N., 2006a. Recent evolution of varietal diversity of rice in Guinea. New descriptors for the monitoring of *in situ* diversity in crop plant.
- Barry M. B., Ahmadi N. & Pham J.L., 2006b. Farmer's management of rice varieties and rice seeds in maritime Guinea. Consequences for the conservation of genetic resources.
- Barry M.B., Pham J.L., Courtois B., Billot C. & Ahmadi N., 2006e. Genetic diversity of cultivated rice (*O. sativa* & *O. glaberrima*) at the village and at the farm levels. Consequences for conservation of rice genetic resources.
- Bezançon G. et Koffi G., 1979. Prospection des riz africains. Campagne 1979. Mission de prospection en république populaire et révolutionnaire de Guinée, 15 Novembre – 30 décembre 1979. 28 p.
- Bezançon G, Mariac C., Pham J.L., Vigouroux Y., Chantreau J., Deu M., Herault D., Sagnard F., Gérard B., Ndjeunga J., Kapran I. & Mamadou M.A., 2005. How does agrobiodiversity respond to global change? Assessing changes in the diversity of pearl millet and sorghum landraces in Niger between 1976 and 2003. First DIVERSITAS Open-Science Conference, Integrating biodiversity Science for human well-being, 9-12 November 2005, Oaxaca, Mexico
- Brush S. B., 1999. Genetic erosion of crop population in centers of diversity : a revision. Proc. Techn. Meeting FAO in Prague, pp. 34-44.
- De Kochko A. et Koffi G., 1982. Rapport de mission. Prospection des variétés traditionnelles et des espèces sauvages de riz en en république populaire et révolutionnaire de Guinée, 17 Novembre – 22 décembre 1982. 16 p.
- del Rio A.H., Bamberg J.B., Huaman Z., Salas A. & Vega S.E., 1997. Assessing changes in the genetic diversity of potato gene banks. 2. In situ vs ex situ. Theoretical and Applied Genetics 95:199-204.
- Excoffier L., Smouse P., et Quattro J.M., 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: Application to human mitochondrial DNA restriction data. Genetics 131:479-491.
- Fowler C. & Mooney P., 1990. Shattering: Food, Politics and the Loss of Genetic Diversity. Tucson: University of Arizona Press.
- Goudet J., 1995. Fstat version 1.2: a computer program to calculate F-statistics. J. Hered. 86:485-486
- Hammer K., Knupffer H., Xhuveli L. & Perrino P., 1996. Estimating genetic erosion in landraces - two case studies. Genetic Resources and Crop Evolution 43: 329-336.
- Luce C., Noyer J.L., Tharreau D., Ahmadi N., Feyt H., 2001. The use of microsatellite markers to examine the diversity of the genetic resources of rice (*Oryza sativa*) adapted to european conditions. Acta Hort 546:221-235
- Liu K. & Muse S., (2001 – 2004). PowerMarker: new genetic data analysis software. Version 3.0. Free program distributed by the author over the internet from <http://www.powermarker.net>
- Martos V., Royo C., Rharrabti Y. & Garcia del Moral L.F., 2005. Using AFLPs to determine phylogenetic relationships and genetic erosion in durum wheat cultivars released in Italy and Spain throughout the 20th century. In Field Crops Research 91 (2005) 107-116.
- Millenium Ecosystem Assessment (2005) Ecosystem and human well-being : Biodiversity synthesis. World Resources Institute, Washington, DC.
- Ochoa C., 1975. Potato collecting expeditions in Chile, Bolivia and Peru, and the genetic erosion of indigenous cultivars. In Crop Genetic Resources for Today and Tomorrow. International Biological Programme 2. O. H. Frankel and J. G. Hawkes, eds. Cambridge: Cambridge University Press. Pages167-173.

- Peroni N. & Hanazaki N., 2002. Current and lost diversity of cultivated varieties, specially cassava, under swidden cultivation systems in the Barzilian Atlantic Forest. In *Agriculture, Ecosystems and Environnement* 92 (2002) 171-183.
- Risterucci A.M., Grivet L., N'goran J.A.K., Pieretti I., Flament M.-H. & Lanaud C., 2000. A high density linkage map of *Theobroma cacao* L.
- Tin H.Q., Berg T., Bjørnstad Å., 2001. Diversity and adaptation in rice varieties under static (ex situ) and dynamic (in situ) management. *Euphytica* 122: 491-502.
- Wright S., 1931. Evolution in Mendelian population. *Genetics* 16: 97-159
- Wright S. 1978. Evolution and the genetics of populations. Vol. 4. Variability within and among natural population. University of Chicago Press, Chicago

## **DISCUSSION GENERALE ET CONCLUSION**

## DISCUSSION GÉNÉRALE ET CONCLUSION

### 1. Rappel des principaux résultats

#### 1.1 Variétés cultivées et leur utilisation par les paysans

La diversité des noms des variétés et son évolution récente ont été étudiées à l'échelle nationale dans les 4 régions naturelles de la Guinée auprès de 1697 paysans vivant dans 79 villages et approfondies dans 14 villages de la région Guinée maritime. Cette étude nous a permis de déterminer le nombre de variétés connues et cultivées à différentes échelles spatiales, la proportion de paysans d'un village qui cultivent chaque variété et le niveau et le degré de conservation de la biodiversité du riz.

Un nombre important de noms des variétés a été observé en Guinée : 669 pour l'ensemble du territoire national. Un nombre de noms très restreint est partagé par 2 régions ou 3 régions et encore beaucoup moins par les 4 régions : chaque région a donc ses noms de variétés. La Guinée maritime compte 292 variétés, la Haute Guinée 105, la Guinée Forestière 285 et la Moyenne Guinée 52. Ces données n'indiquent pas l'importance de la diversité génétique car il existe des synonymies et une certaine inconsistance des noms des variétés : certaines accessions homonymes sont différentes sur le plan génétique et inversement, d'autres accessions de noms différents sont génétiquement proches.

La diversité des noms est plus importante dans les deux régions de grande tradition rizicole, Guinée maritime et Guinée forestière. Portères (1966) montrait aussi que, dans les années 50, les régions de la Haute Guinée et de la Moyenne Guinée étaient beaucoup plus pauvres en variétés que les régions de la Guinée maritime et de la Guinée forestière. Le fait que la côte guinéenne ait été le premier point d'entrée des riz asiatiques a dû également contribuer à la diversité des noms dans cette région ; la Guinée forestière a elle aussi largement profité des introductions des riz asiatiques à partir du Libéria (Portères, 1966).

Cette étude montre aussi qu'en moyenne, une dizaine de variétés est cultivée par village et deux variétés par exploitation. Le nombre de variétés observé aux échelles les plus larges est partout plus élevé que celui observé aux échelles les plus réduites. Par exemple, le nombre moyen de variétés cultivées dans un village ne représente qu'une proportion très faible de la diversité des noms des variétés observées dans la région, respectivement, 4 % en Guinée maritime, 10 % en Haute Guinée, 6 % en Guinée forestière et 13 % en Moyenne Guinée. Cette distribution du nombre de variétés montre que les villages d'une même région ont peu de variétés en commun, de même que les paysans d'un même village ; elle explique aussi pourquoi l'existence d'un grand nombre de variétés dans les régions et dans les villages.

Le nombre de variétés cultivées observées au niveau des exploitations et des villages est comparable à ceux rapportés dans la littérature (Labmert, 1985 ; Dennis, 1987 ; Vaughan et Chang, 1992 ; Lando *et al.*, 1994 ; Kshirsagar 2002 ; Pham *et al.*, 2002) avec plusieurs dizaines de variétés de riz par village et plusieurs variétés par exploitation. Le fait qu'il existe un nombre relativement important de variétés à ces deux échelles est une des caractéristiques de systèmes de production traditionnels. Plusieurs facteurs comme l'hétérogénéité environnementale (sol, température, inondation, etc.), les insectes et maladies, la gestion des risques (Anderson et Hazell, 1994), la culture et les rituels, les usages (Bellon 1996), expliquent pourquoi les paysans cultivent chaque année plusieurs variétés. En Guinée maritime, par exemple, chaque paysan, quelque soit l'écosystème considéré, cultive chaque

année des variétés à cycle végétatif différent. Les variétés à cycle précoce répondent à un besoin de riz pour la période de soudure alimentaire. Elles donnent aussi plus de flexibilité au calendrier cultural et permet d'augmenter les surfaces cultivées dans l'exploitation. Les variétés à cycle tardif, de meilleur potentiel de rendement, assurent la récolte principale.

Enfin, quelles que soient la région ou l'échelle spatiale considérée, le nombre de variétés traditionnelles connues ou cultivées est largement plus élevé que celui des variétés améliorées. Il représente environ 80 % du nombre total de variétés connues ou cultivées. La prédominance des variétés traditionnelles sur les variétés améliorées est aussi une des caractéristiques des systèmes de production traditionnels. En effet, dans ces systèmes où il n'y a pas de maîtrise de l'eau ni utilisation d'intrants (engrais et pesticides), les variétés traditionnelles sont plus adaptées que les variétés améliorées. La nature hétérogène des variétés traditionnelles est elle-même une source de rusticité, de résistance contre les maladies et les ravageurs (Zhu *et al.*, 2003).

## **1.2 Structures génétiques et gestion des variétés locales**

Les marqueurs microsatellites nous ont permis de caractériser la structure génétique des variétés locales de la Guinée maritime à partir d'un échantillon de 42 accessions représentées chacune par 27 plantes.

Cette étude a montré que les variétés cultivées en Guinée maritime ne sont pas homogènes. Elles présentent une diversité génétique intra variétale relativement importante et une structure de type multilignée. Cette diversité génétique intra variétale est plus importante chez les variétés de riz inondé que chez celles cultivées en pluvial. En effet, chaque accession est constituée, en moyenne, de 14.0 génotypes multi – locus pour les variétés de l'écosystème inondé et 9.1 pour celles de l'écosystème pluvial.

La structure génétique en multilignée des variétés guinéennes est un atout sur le plan agronomique et sur le plan de la conservation. En effet, sur le plan agronomique, il a été démontré que les populations sont moins vulnérables aux maladies et aux parasites que les lignées pures (Goldringer *et al.* 2000 ; Zhu *et al.* 2003). Sur le plan de la conservation, le maintien d'une variété de cette nature permet de conserver une diversité équivalente à celle de plusieurs lignées pures. Ce qui permettrait de réduire le coût de la conservation et de maximiser les bénéfices génétiques en offrant aux populations une meilleure capacité d'évolution *in situ*.

Cette étude a également permis de savoir que les variétés majeures ont une diversité génétique plus importante que celle des variétés mineures. Cette information est d'une grande importance dans une stratégie de conservation des ressources génétiques à la ferme. En effet, les variétés majeures, cultivées par un grand nombre de paysans risquent moins d'être perdues que les variétés mineures et leur maintien garantit la conservation d'une diversité génétique relativement importante, toutes choses étant égales par ailleurs.

Nous avons observé une différenciation génétique très importante entre les accessions étudiées. Pour les deux villages, plus de 90% des FST par pair d'accessions (toutes espèces et sous-espèces confondues) sont supérieurs à 0.25, valeur considérée par Wright (1978) comme un niveau de différenciation génétique très important. Ce résultat est attendu pour une plante autogame comme le riz. Cependant, il l'est moins pour les populations ayant une diversité intra variétale importante parce que, théoriquement, la différenciation génétique entre populations diminue lorsque la diversité intra variétale augmente.

En fin, la structure génétique des variétés locales mise en évidence dans cette étude est le résultat d'un brassage continu entre accessions et entre génotypes au travers des pratiques paysannes de gestion de la diversité. La diversité inter et intra variétale étant maintenue au fil des générations grâce au prélèvement des semences sur les récoltes précédentes sans épuration. Il est possible, de cette manière, qu'une proportion de la diversité génétique d'une variété abandonnée soit maintenue.

### **1.3 Distribution écogéographique de la diversité génétique**

Une représentation globale de la diversité moléculaire permet de séparer sans ambiguïté les deux espèces cultivées *O. sativa* et *O. glaberrima* et les deux sous-espèces d'*O. sativa* de type *indica* (variétés cultivées en écosystème inondé) ou de type *japonica* (variétés cultivées en écosystème pluvial) et met en évidence deux particularités locales : 1- un type intermédiaire entre *O. sativa* et *O. glaberrima* et 2- un type associé à la variété *Djou Kèmè* intermédiaire entre les deux sous-espèces d'*O. sativa*. Toutes les accessions de ces deux derniers types sont cultivées en pluvial.

Nous avons détecté en Guinée maritime une variété du nom Messémssé, cultivée en pluvial, qui serait le premier cas avéré de recombinaison interspécifique avec introgression d'*O. sativa* par *O. glaberrima*. En effet, l'existence probable d'hybrides naturels entre les deux espèces de riz est rapportée par de nombreux auteurs (Second 1985; Bezançon 1993; Pham 1992). Cependant, il n'existe pas, à notre connaissance, encore de preuves irréfutables de l'existence à l'état naturel de types intermédiaires entre les deux espèces cultivées. Très récemment, l'ADRAO a pu créer des hybrides issus d'un croisement d'*O. sativa* et d'*O. glaberrima* dénommé NERICA.

Cette importante diversité moléculaire est particulièrement localisée dans les villages. En effet, cette étude montre que 70 % de la diversité totale se trouve à l'intérieur des villages (entre accessions d'un même village) contre 23 % entre les deux écosystèmes (inondé et pluvial) et seulement 7 % entre les villages d'un même écosystème.

Enfin, la diversité et l'enchevêtrement des écosystèmes cultivés en riz, ainsi que la présence des deux espèces cultivées du riz, l'espèce indigène *O. glaberrima* et l'espèce asiatique *O. sativa*, font de la Guinée maritime non seulement un réservoir important de la diversité génétique du riz mais aussi un lieu de recombinaison entre les 2 espèces et entre les 2 sous espèces d' *O. sativa*.

### **1.4 Evolution de la diversité génétique et risque d'érosion génétique**

Nous avons adapté à l'évaluation de diversité variétale d'une plante cultivée par les paysans dans leur agrosystème les indices utilisés par les écologistes pour mesurer la biodiversité des espèces, en milieu naturel (Simpson 1949 ; Patil, & Taillie, 1982 ; Magurran, 1988 ; Simpson, 2002). Les valeurs ces indices montrent pour l'instant que le niveau et le degré de conservation de la diversité ne diminuent pas au cours du temps. Cependant, comparativement au nombre de variétés cultivées par village et par exploitation, ces valeurs sont relativement faibles et montrent ainsi un risque potentiel de perte de diversité. En effet, les variétés sont nombreuses dans les villages et dans les exploitations mais relativement peu et inégalement utilisées. Ces risques de perte de variétés semblent plus importants dans les régions de grande tradition rizicole, Guinée maritime et Guinée forestière, qu'en Moyenne Guinée et Haute Guinée.

Toutefois, cette notion de risque de perte de variétés doit être relativisée en fonction de l'état des systèmes de production et de la dynamique variétale. En effet, la traduction directe des indices de diversité en risque de perte suppose que toutes les variétés ont la même valeur d'usage ou valeur adaptative et sélective. Or, cette hypothèse est rarement vérifiée dans les

agricultures de subsistance où, faute de pouvoir uniformiser les conditions de production, le paysan adapte ses pratiques à la diversité des conditions de production. Les risques de perte sont donc limités en l'absence de changement des conditions de culture. La sélection variétale paysanne observée dans cette étude crée une forte dynamique de la diversité (introduction – expérimentation – adoption ou abandon – nouvelles introductions, etc.) au cours de laquelle un grand nombre de variétés sont cultivées par un nombre restreint de paysans (variétés mineures). Ce processus continu permet de maintenir dans le temps à peu près le même nombre de variétés dans un village même si leur niveau moyen d'utilisation est faible.

L'étude du cas spécifique de la diffusion des NERICA en Guinée nous a permis de savoir que l'adoption de variétés améliorées peut ne pas entraîner une perte de variétés traditionnelles lorsque les deux sont complémentaires. Dennis (1987) a montré en Thaïlande que l'adoption de variétés améliorées de riz ne déplaçait pas complètement les variétés locales mais que les surfaces qui leur étaient consacrées diminuaient.

En Guinée maritime, une attention particulière a été portée sur l'érosion génétique. Nos résultats tendent à démontrer que le nombre de variétés augmente au cours du temps chez *O. sativa*. Cependant, nous avons observé une diminution du nombre de variétés cultivées de 34 % pour *O. sativa* et de 40 % pour *O. glaberrima* entre 1982 et 2003 dans l'un des 6 villages étudiés (Thia). Dans ce village périurbain, les paysans ont abandonné la culture du riz pluvial suite à une baisse de la fertilité des sols consécutive à la réduction de la durée de la jachère (seul moyen de régénération de la fertilité des sols dans ce milieu). Les paysans de ce village s'orientent de plus en plus vers la culture de l'arachide et celle du fonio.

## **2. Conservation des ressources génétiques**

### **2.1 Pourquoi conserver ?**

La diversité est nécessaire à l'amélioration variétale, à la production agricole et constitue une certaine garantie contre les changements environnementaux. Elle peut s'éroder à la suite de l'évolution des systèmes de culture extensifs vers des systèmes de culture intensifs ou suite à des accidents climatiques. Les exemples sont nombreux : Philippines (Frankel et Bennet, 1970 ; Morin *et al.*, 2002), Chili et Pérou (Oka, 1975) ou encore Albanie et Italie (Hammerer *et al.*, 1996), etc. En Guinée, les risques d'érosion génétique semblent être pour l'instant limités parce que les systèmes de culture de riz sont encore extensifs.

Cette étude montre que la Guinée rassemble les atouts pour la préservation de la diversité génétique du riz. 1- Elle héberge une importante diversité génétique inter et intra variétale avec la présence des deux espèces de riz cultivées (*O. sativa* et *O. glaberrima*) et de deux espèces de sauvages (*O. breviligulata* et *O. longistaminata*) apparentées aux riz cultivés. 2- Cette diversité est gérée par les paysans, une gestion qui favorise son maintien et son évolution *in situ*. 3- Les risques d'érosion génétique sont pour l'instant limités. Ces différents éléments montrent que c'est le bon moment de réfléchir sur la conservation des ressources génétiques du riz en Guinée.

De plus, le déficit en riz ne fait que croître, d'année en année, il est prévisible qu'à moyen terme, les rizières guinéennes seront intensifiées. Cette intensification entraînera, comme dans beaucoup de cas, des pertes de diversité génétique si des dispositions ne sont pas prises à temps pour leur préservation.

### **2.2 Quelle diversité conserver ?**

La diversité des noms ? La diversité morphologique ? La richesse allélique ?

La consistance des noms est faible et aléatoire. Il n'est pas donc intéressant de définir l'unité de conservation sur la base des noms. Nous savons que l'évaluation de la diversité par les noms sous-estime le niveau de la diversité en ignorant la diversité intra-variétale.

La diversité morphologique n'a pas été étudiée ici en détail, elle est aussi influencée par les facteurs de l'environnement.

La richesse allélique est donc le moyen le plus approprié pour définir l'unité de conservation de la diversité génétique du riz en Guinée. Considérer la richesse allélique comme nature de la diversité à conserver n'est pas suffisant. Faut-il conserver des allèles particuliers, des structures génétiques ou une diversité globale ? Conserver une diversité globale est le moyen d'intégrer la diversité entre les variétés et la diversité qui réside à l'intérieur des variétés. Mais cette diversité est gérée par les paysans à travers les variétés, donc, même si la définition des unités de conservation de la diversité s'appuie sur la richesse allélique, la conservation proprement dite se fera par les variétés.

### **2.3 Comment conserver ?**

Il existe plusieurs stratégies de conservation des ressources génétiques des plantes cultivées qui tournent autour de deux principales : la conservation *ex situ* et la conservation *in situ*. Utiliser les deux semble le plus raisonnable puisqu'elles sont complémentaires. A titre d'exemple, les variétés maintenues *ex situ* peuvent être réintroduites dans les agrosystèmes traditionnels telles qu'elles ont été collectées (Zhu et al. 2003) ou bien utiliser comme parents dans les programmes d'améliorations variétales. A l'inverse, les variétés maintenues *in situ* sont la source d'approvisionnement des banques de gènes (collecte et enrichissement des collections au cours du temps). Les variétés maintenues *ex situ* sont, d'une manière générale, préservées contre l'érosion génétique due par exemple à l'évolution des systèmes de production ou aux calamités naturelles alors que les variétés conservées *in situ* sont exposées à ces phénomènes. Les accessions conservées *ex situ* sont également d'accès facile pour les sélectionneurs, c'est le cas inverse pour les variétés conservées *in situ*. Les variétés conservées *in situ* évoluent en s'adaptant aux changements environnementaux et socio-économiques par la sélection naturelle et la sélection humaine, ce qui n'est pas le cas pour les variétés conservées *ex situ*.

### **2.4 Conservation *ex situ***

Une collection des riz de Guinée est maintenue en chambre froide au CIRAD, à l'IRD et à l'IRRI. Elle rassemble des échantillons des riz cultivés appartenant aux deux espèces de riz cultivées et des riz sauvages (*O. breviligulata* et *O. longistaminata*). Une très grande partie de ces variétés (plus de la moitié) ne sont plus cultivées dans les endroits où elles ont été collectées. Les variétés ainsi abandonnées sont remplacées par d'autres variétés traditionnelles ou améliorées. Il est peut-être donc intéressant de collecter les variétés traditionnelles introduites récemment dans les villages et les conserver *ex situ*. Il s'agirait par exemple des variétés traditionnelles rares, menacées de perte, qui ne sont pas conservées en banque de gènes.

Il pourrait aussi être intéressant de conserver *ex situ* les deux sous-ensembles génétiques singuliers mis en évidence en Guinée maritime dont l'un est intermédiaire entre les deux sous-espèces *indica* et *japonica* d'*O. sativa* et l'autre intermédiaire entre les deux espèces cultivées *O. sativa* et *O. glaberrima*, y compris la variété Messemesse issue d'introgression d'*O. sativa* par *O. glaberrima*. Les nouvelles variétés à conserver *ex situ* seront identifiées par comparaison de la liste des variétés cultivées actuellement avec celle des variétés collectées dans les années 1980, suivi d'une enquête légère permettant de distinguer les variétés majeures des variétés mineures. Nous avons ainsi établi dans cette étude la liste des variétés



cultivées actuellement et la distinction entre variétés majeures et variétés mineures pour certains villages prospectés dans les années 1980.

Au cours de cette étude, 171 accessions ont été collectées en Guinée maritime à raison de 15 panicules-types par accessions. Cette collection pourrait être conservée *ex situ* en l'état dans les banques de gènes étrangères, à l'ADRAO ou à l'IRRI, comme une propriété à part entière de l'IRAG pour éviter les difficultés d'échange de matériel génétique entre Etats. En effet, la Guinée n'a pas les équipements appropriés et manque d'électricité pour la conservation *ex situ* en chambre froide.

A partir de cette même collection, nous proposons la constitution d'une « core collection » sur la base de la diversité moléculaire révélée dans cette étude et des deux grands écosystèmes (inondé et pluvial). Elle sera d'une taille limitée, une trentaine de variétés, en raison des faibles ressources financières des stations de recherche de l'IRAG. Cette « core collection », représentative d'une diversité importante de la Guinée maritime, pourra être maintenue *ex situ* (à l'ADRAO et à l'IRRI) comme telle et à l'état vivant dans les stations de recherche de Koba et de Kilissi comme matériel de travail pour les sélectionneurs. Chaque échantillon sera planté chaque année sur des parcelles de taille relativement importante, 20 à 30 m<sup>2</sup>, pour réduire les effets de la dérive génétique entre générations. (Habituellement, à l'IRAG, un échantillon de riz est maintenu à l'état vivant dans une parcelle de 3 à 5 m<sup>2</sup>). Les semences de la génération suivante pourront être prélevées de façon aléatoire sur la récolte de l'ensemble de la parcelle de 20 ou 30 m<sup>2</sup> après battage. Chaque échantillon est donc maintenu sous forme de Bulk puisque l'on cherche à conserver son intégrité en évitant toute forme d'épuration et de dérive génétique.

En terme d'échantillonnage, nos résultats indiquent que la diversité génétique d'un village peut être obtenue en s'assurant d'une bonne représentation de chaque variété locale par la collecte d'un nombre suffisant de plantes par accession et d'accessions par variété dans des exploitations prises au hasard. Ces variétés locales contiennent une diversité intra variétale si importante, qu'il est quasi impossible d'assurer leur conservation au travers des méthodes d'échantillonnage habituelles utilisées dans les projets de conservation *ex situ*. La conservation de toute les associations alléliques ou de génotypes multi-locus inventoriés ne peut être envisagée que dans le cadre d'une approche *in situ* à la ferme.

## **2.5 Conservation à la ferme**

La conservation à la ferme implique le maintien des variétés traditionnelles des plantes cultivées par les paysans dans leurs agrosystèmes (Altieri et Merrick, 1987 ; Brush, 1991). Louette (1994) distingue 3 approches de conservation à la ferme présentées en détail dans l'introduction : la conservation statique, la cohabitation entre variétés traditionnelles et variétés améliorées et l'approche qui consiste à associer la conservation et l'amélioration des variétés locales. Parmi les 3, la dernière peut être la mieux adaptée aux réalités guinéennes. L'approche que nous proposons dans cette étude va plus loin que cette dernière : il s'agit de mener en même temps la conservation des ressources génétiques et le développement de la culture de riz.

### **2.5.1 Stratégie : conservation et développement agricole**

La stratégie qui cherche à concilier conservation et développement agricole est, par ailleurs, la plus acceptable tant sur le plan économique que sur le plan éthique. Elle est probablement la plus délicate à concevoir et à mettre en œuvre puisque la plupart des actions de

développement agricole sont contraires aux pratiques traditionnelles qui ont permis jusqu'ici de préserver les ressources génétiques. Toutefois les travaux de Zhu *et al.* (2003) ont démontré que les deux peuvent aller de pair. La conservation des ressources génétiques à la ferme pourrait être une composante des programmes de développement agricole. Le choix de coupler la conservation à la ferme aux projets de développement se justifie par le fait que ce sont ces mêmes projets qui mènent des actions susceptibles de menacer la diversité génétique comme les aménagements qui détruisent des niches écologiques ou bien la double culture qui implique l'utilisation de variétés précoces non photopériodique ou encore tout simplement l'intensification qui exige, pour sa rentabilité, des variétés améliorées à haut rendement dont la base génétique est reconnue restreinte.

En général, la conservation des ressources génétiques des plantes cultivées est entreprise lorsque la diversité est menacée d'érosion génétique ou encore lorsque l'érosion génétique est en cours. Pourtant, si l'on admet qu'il vaut mieux prévenir que guérir, la conservation des ressources génétiques à la ferme serait plus intéressante à entreprendre dans les régions qui hébergent encore de la diversité. Dans ces dernières régions, le coût humain et financier de conservation peut être relativement faible avec un bénéfice génétique qui peut être important. Dans les régions où les pertes de diversité génétique sont importantes, des actions de conservation à la ferme sont entreprises, pour réparer les dégâts, par la réintroduction de variétés traditionnelles (conservées *ex situ*) dans les agrosystèmes modernes. C'est le cas au Yunnan en Chine (Zhu *et al.* 2003).

Pour le cas spécifique de la Guinée, deux raisons principales justifient le choix de la démarche qui allie conservation à la ferme et développement agricole. 1- Le développement de la culture de riz en Guinée devient de plus en plus un impératif. En effet, la demande en riz augmente beaucoup plus vite que la production. La production nationale de riz est loin de couvrir les besoins. Une partie de ce déficit est comblée par des importations qui se chiffrent à plus de 300 000 tonnes par an, ce qui représente près de 40 % de la consommation totale de riz par an. Vraisemblablement, l'ensemble des deux, riz local et riz importé, ne couvre pas totalement les besoins en riz de la population guinéenne. 2- L'importance de la diversité génétique inter et intra variétale, la présence des deux espèces cultivées et des deux espèces sauvages apparentées ainsi que la gestion traditionnelle de la diversité sont, entre autres, des atouts pour la conservation à la ferme des ressources génétiques du riz en Guinée.

La conservation des ressources génétiques du riz à la ferme couplée au développement de la riziculture peut se faire de deux manières. 1- Mettre en place un programme de conservation des ressources génétiques du riz qui doit intégrer dans ses activités des actions de développement de la riziculture dans la région ou zone agricole concernée. 2- Inciter, par une législation, tout projet de développement de la culture de riz qui se met en place, à intégrer dans ses activités la conservation des ressources génétiques du riz par les paysans. A court terme, la dernière alternative pourrait être la plus intéressante parce que les projets de développement de la riziculture se mettent en place dans différentes régions de la Guinée. Par exemple, en Guinée maritime, un projet de développement de la riziculture de mangrove est en phase d'étude de faisabilité et doit démarrer probablement au début de l'année 2007.

Si cette stratégie peut s'appliquer facilement en écosystème inondé parce que, les interventions externes pour l'amélioration de la production de riz sont fréquentes. En revanche, en écosystème pluvial, les interventions externes sont rares et la menace de l'érosion génétique est présente à cause de la baisse de fertilité des sols qui provoque un abandon de la culture de riz dans certains villages. Donc, même si cette stratégie retient l'attention des politiques, il serait nécessaire de faire plus d'effort de conservation *ex situ* pour les variétés cultivées en écosystème pluvial que pour celles cultivées en écosystème inondé.

L'adoption de cette stratégie par les projets et les paysans doit passer par une bonne sensibilisation sur l'importance de la diversité génétique, du droit et devoirs des citoyens sur les ressources génétiques des plantes cultivées.

### 2.5.2 Sélection des sites

La sélection des sites de conservation doit tenir compte des objectifs de conservation et de la distribution spatiale de la diversité. Il s'agit de sélectionner les sites, les communautés et les paysans où les activités de conservation pourraient être implantées avec comme objectif de préserver dans les champs des paysans un maximum de diversité et ses conditions d'évolution, à moindre coût. Pour la cas de la Guinée, l'objectif de conservation à la ferme définie par cette étude est de préserver une diversité génétique globale importante et non une diversité génétique particulière qui peut faire l'objet de conservation *ex situ*. La question est de savoir à quelles échelles spatiales et à quels endroits cette diversité génétique globale pourrait être le mieux préservée puisque probablement aucune échelle ne permettra de conserver entièrement le matériel génétique cultivé.

Nos résultats sur la structuration éco-géographique et la différenciation génétique entre écosystèmes, entre villages d'un même écosystème, entre accessions d'un même écosystème et entre individus de la même accession aident à définir les sites de conservation.

Le village est incontestablement l'unité géographique et sociale de base pour des actions relatives à la préservation de la diversité génétique du riz. En effet, 70 % de la diversité génétique totale observée en Guinée maritime réside dans les villages. C'est aussi à cette échelle que les échanges de matériel génétique entre paysans sont encore les plus actifs. Cependant, d'autres niveaux de différenciations doivent aussi être considérés. La subdivision en deux grands écosystèmes, aquatique et pluvial, recouvre la différenciation *indica* / *japonica* et une part importante de la différenciation *O. sativa* / *O. glaberrima*. Il est donc nécessaire de choisir des villages dans chacun de ces deux grands écosystèmes.

Nous avons montré que la richesse allélique des deux villages d'étude représente près de 75% de celle de la région de Guinée maritime. Il semble donc possible d'assurer la conservation de toute la diversité allélique de la région avec un petit nombre de villages. Néanmoins, pour la conservation à la ferme, il est nécessaire de sélectionner plusieurs villages pour maintenir les échanges de variétés et de semences entre les villages. Il vaudrait mieux sélectionner des communautés de villages relativement éloignées plutôt que proches, notamment en écosystème pluvial. En écosystème inondé il sera nécessaire de tenir compte de la diversité des systèmes de culture (mangrove fermée, mangrove ouverte et plaine d'eau douce) en privilégiant les villages dans lesquels on rencontre plusieurs de ces systèmes de culture, comme le village de Kifinda dans la préfecture de Boffa. Les plus gros villages sont aussi plus intéressants que les petits villages parce que le nombre de variétés cultivées y est beaucoup plus élevé. Le village de Katako dans la préfecture de Boké est un exemple de gros village.

L'exploitation est une unité incontournable de gestion de la diversité par le fait qu'une seule exploitation gère près de 50% de la richesse génotypique d'un village. Il semble donc possible d'assurer la conservation de la richesse génotypique d'un village en travaillant avec un petit nombre d'exploitations agricoles. Cependant, tous les paysans d'un village peuvent être impliqués dans la conservation à la ferme pour maintenir les échanges de variétés entre les paysans, ce qui garantirait la conservation et l'évolution de la diversité à cette échelle.

A l'échelle d'une exploitation donnée, l'ensemble de la diversité peut être considéré pour la conservation car, dans notre stratégie de conservation à la ferme, on ne s'intéresse pas à des variétés ou à des allèles particuliers mais à la diversité globale.

### 2.5.3 Proposition d'actions à mettre en œuvre pour la conservation à la ferme

Elles visent à conserver la diversité variétale par les paysans tout en améliorant la production de riz dans les exploitations. Elles constituent de ce fait un compromis entre les deux situations extrêmes : 1- laisser faire les paysans et 2- agir sur les pratiques habituelles de sélection et de diffusion de semences améliorées.

#### Valorisation des variétés traditionnelles

Une question importante que nous entendons discuter dans cette étude est celle de savoir comment et dans quel intérêt nous pourrions valoriser au mieux l'important matériel génétique du riz conservé par les paysans en Guinée. Sa valorisation contribue à la conservation parce que les paysans ne maintiennent pas les variétés pour le simple plaisir. Nous savons que ce matériel est non seulement peu connu mais aussi peu exploité par les sélectionneurs. En effet, jusqu'ici, les objectifs de la sélection variétale du riz menée en Guinée visaient essentiellement à créer des variétés à haut rendement capables de supplanter les variétés traditionnelles considérées à tort ou à raison comme peu performantes. Cependant, malgré la diffusion d'un grand nombre de variétés améliorées, cette étude a démontré que les variétés traditionnelles sont encore très largement majoritaires. Plusieurs études, comme celle de Matlon (1983), démontrent que dans les environnements marginaux, les variétés améliorées ont du mal à supplanter les variétés traditionnelles. Il n'est pas, dans ce cas, utopique d'envisager l'amélioration des variétés traditionnelles en les intégrant aux processus de sélection conventionnelle et participative.

Les variétés majeures, clairement identifiées dans cette étude, peuvent constituer la base de l'amélioration des variétés traditionnelles. Elles présentent sans doute des caractéristiques intéressantes et peuvent être considérées comme potentiellement productives. Cependant, elles peuvent avoir certains défauts connus des paysans que la sélection conventionnelle peut corriger. Prenons l'exemple de la variété Djou Kème qui est présente dans tous les villages cultivant du riz pluvial, réputée pour son fort tallage et de son rendement élevé mais reconnue comme très sensible à l'égrenage. Certaines variétés majeures peuvent même être multipliées et diffusées comme telles sans aucune amélioration supplémentaire c'est le cas par exemple de la variété Ancre connue sous d'autres noms comme Kissosso dans Boffa, Wonkifong dans Boffa et Forécariah, Elhadj muadébakhi dans Boffa et Dubréka. Cette dernière est très récente en Guinée maritime mais est entrain de s'étendre lentement dans les zones inondées. Elle est aromatique, d'une bonne saveur avec un rendement élevé.

La variété Messemesse pourrait être utilisée dans un plan de croisement entre les deux espèces de riz *O. sativa* et *O. glaberrima*. En effet, cette variété a été identifiée dans cette étude comme hybride inter spécifique ayant introgressé des gènes d'*O. glaberrima* dans *O. sativa*. La première étape serait de voir s'il est possible d'obtenir des hybrides fertiles dans un croisement de cette variété avec une autre d'*O. glaberrima*.

Les résultats de cette étude montrent aussi la présence dans les variétés traditionnelles de nombreuses caractéristiques intéressantes qui peuvent être utilisées dans les programmes de sélection ; c'est le cas par exemple de la saveur des grains et de l'arome chez la variété Ancre, du gonflement à la cuisson chez les variétés Dépa, Balanta, etc. ou encore du tallage chez la variété Djou Kème.

Enfin, une bonne exploitation de la diversité génétique locale doit passer par une évaluation agronomique des ressources génétiques locales de riz par les sélectionneurs.

### Amélioration de l'accès à la diversité par la sélection variétale participative

La sélection variétale participative est une approche expérimentale qui permet de présenter aux paysans une large gamme de nouvelles variétés, traditionnelles et améliorées, de les intégrer au processus de sélection et de repérer les caractéristiques variétales intéressantes qui pourront être pris en compte par les programmes de sélection. Cette approche expérimentale déjà a été utilisée en Guinée et dans d'autres pays de la sous – région Ouest Africaine dans le cadre du transfert des NERICA en milieu paysan. Cette recherche est menée par les paysans avec la participation de la recherche, d'ONG et de services de vulgarisation. Elle devient ainsi un lieu d'échange et de complémentarité entre connaissances paysannes et connaissances scientifiques.

Dans ce schéma, les lignées améliorées pourront être testées dans les champs des paysans avec plusieurs variétés traditionnelles, d'*O. sativa* et/ou d'*O. glaberrima*, sélectionnées pour leur performance dans plusieurs environnements et villages de la région concernée. Les variétés améliorées sont introduites par l'IRAG à partir des stations de recherche nationales (IRAG ou autres SNRA) ou internationales comme l'ADRAO. Les variétés traditionnelles de la région peuvent être identifiées par les paysans et les services de vulgarisation parmi les variétés majeures de plusieurs villages. Les variétés majeures sont celles qui sont les plus cultivées dans un village donné. Cette orientation vers les variétés majeures ne doit pas exclure dans la liste des variétés à tester d'autres variétés performantes que les paysans sont capables d'identifier et de nommer. Le nombre de variétés à tester peut être par exemple fixé à une vingtaine par essai. Les essais peuvent être menés par écosystème sous forme de réseaux dans plusieurs villages de la région concernée. Les paysans évaluent, dans ces essais, les variétés sur la base de leurs propres critères qui peuvent être différents de ceux utilisés par les programmes de sélection. Le principe de cette démarche est que les paysans sont mieux placés que quiconque pour savoir quel matériel végétal répond mieux à leurs besoins.

La sélection variétale participative donne ainsi une opportunité aux paysans de choisir les combinaisons variétales les plus appropriées pour leurs champs et leurs objectifs de production. Plus les variétés sont intéressantes pour les paysans plus celles-ci ont des chances d'être conservées.

Enfin, la sélection variétale participative peut encourager la conservation *in situ* des cultures traditionnelles (Ceccarelli *et al.*, 2003) tout en améliorant le patrimoine génétique et en permettant un meilleur accès des paysans aux ressources génétiques. Cette démarche nous semble être plus adaptée aux systèmes de culture extensifs dans les zones agricoles marginales, comme c'est le cas général en Guinée, que les méthodes classiques de sélection et de transfert de technologies en milieu paysan. Ces dernières méthodes n'ont, par ailleurs, eu que peu d'impact en matière d'adoption de variétés améliorées comme le montrent les résultats de cette étude, heureusement pour la diversité. Cependant, faudrait-il craindre dans cette démarche de sélection participative que les choix paysans convergent vers un nombre très restreint de variétés lorsque les conditions du milieu sont uniformisées par les aménagements par exemple?

### Renforcement du système informel d'approvisionnement en semences par la production de semences communautaires

Les résultats de cette étude montrent que toutes les semences de riz utilisées actuellement sont produites par les paysans. Ce système joue un rôle important dans le maintien et l'évolution de la diversité génétique du riz dans les agrosystèmes traditionnels de la Guinée maritime. Pham *et al.* (2002) rappellent que si les paysans n'étaient plus autorisés à utiliser leurs semences, les changements génétiques seraient uniquement ceux conçus par l'industrie semencière. Les lots de semences d'une génération seraient indépendants des ceux de la précédente. Par ailleurs, le système semencier formel n'est pas capable de multiplier et de distribuer les semences de toutes les variétés cultivées dans une région agricole comme la Guinée maritime.

Dans ce système semencier informel, il arrive souvent que les paysans manquent de semences. En effet, les paysans prélèvent à la récolte une quantité de semences suffisante mais qu'ils utilisent en partie avant les semis pour la nourriture ou la vente, et deviennent souvent déficitaires en semences. Le paysan peut obtenir la semence complémentaire par échange, don ou achat auprès de ses parents, amis et voisins ou encore au marché. Les échanges de semences entre paysans atténuent l'insuffisance de semences mais ne la règlent pas entièrement. Pour cette raison il peut être intéressant de renforcer ce système informel pour accroître la disponibilité des semences et améliorer sensiblement leur qualité. L'approche « production de semences communautaires de qualité acceptable » peut être adoptée puisque le système formel mis en œuvre auparavant n'a jamais réussi en Guinée, ni dans d'autres pays d'Afrique. Il ne favorise non plus la conservation de la diversité génétique dans les agrosystèmes.

La production des semences communautaires de qualité acceptable a été développée à l'ADRAO (Bèye, 2000) et lancée en Guinée en 2001 par le SNPRV et l'IRAG. Elle consiste à faire produire des semences de qualité acceptable par les paysans organisés ou non, en utilisant leurs savoirs, avec un contrôle minimal sur la qualité des semences. Cette approche se veut plus proche des paysans en termes de techniques de production et de conservation, de disponibilité et d'accès aux semences (distance d'approvisionnement et prix convenables). Les variétés à multiplier, traditionnelles ou améliorées, sont identifiées par les paysans. Cette démarche, très proche des réalités paysannes, peut améliorer la disponibilité et la qualité physique des semences sans compromettre la diversité génétique. Elle permet aux paysans de multiplier les semences des variétés dont ils ont besoin, d'accéder davantage à la diversité. Elle pourrait ainsi mieux contribuer à la conservation de l'agro – biodiversité du riz qu'un système semencier formel.

La production de semences communautaires de qualité acceptable nous semble être plus intéressante à mettre en œuvre dans le cadre des projets de développement de la riziculture que l'approche classique de l'industrie semencière. Elle peut concerner les variétés majeures et les variétés retenues par les paysans dans les essais de sélection variétale participative. Les semences de première génération sont produites par la recherche agronomique, les paysans prenant la relève dès la seconde génération.

### Améliorer la fertilité des sols en écosystème pluvial

Restaurer la fertilité de la plupart des sols en écosystème pluvial est indispensable pour que la culture de riz et le maintien des variétés continuent dans les agrosystèmes traditionnels. En effet, dans cet écosystème, la pauvreté des sols en éléments nutritifs est actuellement le premier facteur limitant de la culture de riz qui régresse de manière très visible partout en



Guinée. Elle est consécutive à la réduction de la durée de la jachère qui est passée entre 1980 et 2001 de 10 ans à 6 ans, en moyenne (Boun *et al.* 2001).

Deux solutions sont possibles pour améliorer la fertilité de ces sols : l'utilisation d'engrais chimiques ou bien de matière organique. La première solution n'est pas facile à mettre en œuvre pour deux principales raisons : 1- les engrais chimiques ne sont pas disponibles sur le marché guinéen ; 2- même s'ils l'étaient, ils coûtent chers et leur efficacité n'est pas avérée parce qu'en général, ces milieux sont accidentés et pentus, les engrais enfouis peuvent être lessivés par ruissellement, entraînés par des abondantes précipitations. La seconde est envisageable par l'utilisation de plantes légumineuses, comme engrais verts, mais sa faisabilité technique reste à déterminer avec les paysans concernés. L'IRAG et le CIRAD disposent de référentiels techniques obtenus en Guinée forestière et ailleurs sur la sédentarisation d'une agriculture de type défriche – brûlis par l'utilisation de plusieurs techniques dont les plantes légumineuses.

### **3. Observatoire de l'évolution *in situ* des ressources génétiques**

Nos résultats démontrent que les conditions d'évolution *in situ* de la diversité génétique du riz sont importantes en Guinée. A titre d'exemples nous pouvons citer : 1- la présence des deux espèces cultivées de riz *O. sativa* et *O. glaberrima* en écosystème pluvial tout comme en écosystème inondé et des deux espèces sauvages apparentées aux riz cultivés, *O. longistaminata* et *O. breviligulata* que l'on rencontre en bordures des champs ou parfois comme adventices dans les rizières ; 2- les variétés sont cultivées les unes à côté des autres sur des parcelles de moins de 0.1 ha à rarement plus d'un ha ; 3- les structures génétiques des variétés guinéennes sont de type multilignées, un mélange de plusieurs génotypes ; 4- les paysans introduisent et abandonnent fréquemment les variétés et produisent eux-mêmes leurs semences en les prélevant sur leurs récoltes ; 5- les systèmes de cultures de riz sont très divers et extensifs. De plus, nous avons montré dans cette étude combien de fois il est difficile de mesurer l'évolution génétique du riz en s'appuyant sur les collections conservées *ex situ*.

Les résultats des recherches menés en Guinée entre 2001 et 2004 sur la biodiversité du riz constituent une base pour la conception et la mise en œuvre d'études sur la dynamique des ressources génétiques du riz en Guinée.

L'observatoire pourra se fixer deux principaux objectifs : 1- étudier l'évolution de la diversité génétique et 2- analyser l'impact des actions de développement et de conservation à la ferme sur la diversité génétique.

L'observatoire pourra s'intéresser par exemple à :

- Evolution des systèmes de production
- Evolution des pratiques de gestion des variétés et des semences (comme les critères de choix variétal, l'approvisionnement en semences)
- Evolution de la diversité à l'échelle de la région et à l'échelle de village
- Evolution démographique et génétique des mélanges au sein d'un lot de semence
- Etude de la différenciation entre lots de semences issus d'un même lot initial.
- Etude de la consistance des noms des variétés par l'analyse de plante-types, consensuelles, de même nom provenant de différents champs d'un même village et de villages différents. En effet, nos résultats sur la consistance des noms des variétés n'ont pas été concluants

parce que les accessions homonymes comparées sont constituées chacune d'un mélange de plusieurs génotypes. Puisque les paysans sont capables de distinguer et de nommer les différentes formes que constitue une accession, il peut être plus judicieux de baser cette analyse non pas sur la variété population mais sur la plante-type correspondant à un nom.

- Le cas des mélanges volontaires entre les deux espèces cultivées mérite d'être étudié. Les paysans pratiquent le mélange volontaire de 2 ou rarement trois variétés de la même espèce ou d'espèces différentes pour constituer un lot de semences qu'ils peuvent reconduire pendant plusieurs générations. Cette pratique est relativement importante en Guinée maritime, particulièrement en écosystème pluvial. Le mélange de deux espèces de riz cultivées est particulièrement intéressant à étudier parce que, au bout de 3 générations de reconduction d'un lot de semences, les plantes de l'espèce *sativa* disparaissent au profit de celles de l'espèce *glaberrima*. Il s'agirait, probablement, d'un effet de compétition car il est admis que les plantes d'*O. glaberrima* ont une vigueur au départ plus forte que celles d'*O. sativa* (Jones *et al.*, 1996). La compréhension des phénomènes de leur complémentarité sur le plan de la production de grains et de leur compétition sur le plan démographique ouvrira sans doute de nouvelles perspectives dans l'exploitation des ressources génétiques de ces deux espèces de riz par les programmes de sélection.

Les actions de l'observatoire doivent être menées parallèlement à celles de la conservation à la ferme des ressources génétiques du riz dans un esprit de complémentarité. Par exemple, les outils, méthodes et compétences de l'observatoire peuvent servir à faire l'état des lieux sur les pratiques et sur la diversité avant le démarrage des actions de conservation et à évaluer périodiquement l'impact de celles-ci sur la diversité génétique conservée et la production rizicole. Pour cela, les principales actions de l'observatoire pourront être conduites dans un ou deux villages choisis parmi les villages retenus pour la conservation à la ferme et dans un village témoin non retenu pour la conservation à la ferme mais couvert par le projet de développement. Des études spécifiques pourront être conduites dans d'autres villages. Par exemple, des points sensibles, où l'érosion génétique est en place, comme Thia dans Boffa peuvent aussi être intéressants pour l'observatoire. Les paysans pourront être impliqués à la conduite des actions de l'observatoire, par exemple pour faire un inventaire des variétés cultivées dans leur village qui sera mis à jours tous les ans.



## **BIBLIOGRAPHIE**

## BIBLIOGRAPHIE

(Les références des articles ne sont pas recensées ici)

- Ahmadi N., Becquer T., Larroque C., Arnaud M., 1988. Variabilité génétique (*Oryza sativa* L) à Madagascar. *Agronomie tropicale*, 43 (3): 209-221.
- Altieri M.A., Merrick L.C., 1987. « In situ conservation of crop genetic resources through maintenance of traditional farming systems ». *Economic Botany* 4: 86-96.
- Béavogui F., 2004. Dynamiques Agraires et perspectives d'occupation et d'intensification des plaines alluviales de Haute-Guinée. Thèse présentée en vue de l'obtention du Doctorat d'Etudes Rurales de L'Université de Toulouse-Le Mirail. Mention "Développement Rural" 275 p.
- Bellon M.R., 1991. The ethnoecology of maize variety management: a case study from Mexico. *Human Ecology*, 19: 389-418.
- Bellon M.R., and Brush, S.B., 1994. Keepers of maize in Chiapas, Mexico. *Economic Botany* 48: 196-209.
- Bellon 1996. The dynamics of crops infraspecific diversity: A conceptual framework at the farmer level. *Human Ecology* 50 (1): 26-39.
- Bellon M.R., Pham J. L., Jackson M. T., 1997. Genetic conservation: a role for rice farmers. In N. Maxted, B.V. Ford-Lloyd and J.G. Hawkes (eds) *Plant conservation: the in situ approach*. Chapman and Hall, London. 263-289.
- Bellon M.R., Brar D., Lu B.R., J.L. Pham, 1998. Rice genetic resources. In: Dowling NG, Greenfield SM, Fischer KS, editors. *Sustainability of rice in the global food system*. Davis, Calif. (USA): Pacific Basin Study Center, and Manila (Philippines): International Rice Research Institute. 251-283.
- Bellon M.R. 1997. On-farm conservation as a process: An analysis of its components. In Sperling L, Loevinsohn M, eds. *Using Diversity: Enhancing and Maintaining Genetic Resources On-Farm*. Ottawa (Canada): International Development Research Centre. (03 January 2002; [www.idrc.ca/library/document/104582](http://www.idrc.ca/library/document/104582))
- Bellon M.R., Taylor J.E., 1993. Farmer soil taxonomy and technology adoption. *Economic Development and Cultural Change*, 41:764-786.
- Bèye A.M., 2000. L'autoproduction améliorée – une nouvelle approche de production de semences communautaire de riz. ADRAO, Bouaké; BAD-Ouest, Man; et ANADER, Abidjan, Côte d'Ivoire, 49p. ISBN 929113 1899.
- Bezançon G. et Koffi G., 1979. Prospection des riz africains. Campagne 1979. Mission de prospection en république populaire et révolutionnaire de Guinée, 15 Novembre – 30 décembre 1979. 28 p.
- Bezançon G., 1994. Le riz cultivé d'origine africaine *Oryza glaberrima* Steud. et les formes sauvages et adventices apparentées : diversité, relations génétiques et domestication. Thèse de Doctorat d'Etat. Université de Paris-Sud (Centre d'Orsay). TDM n°115, ORSTOM éditeur, 232 p.
- Breese E.L., 1989. Regeneration and multiplication of germplasm resources in seed banks: the scientific background. International Board for Plant Genetic Resources (IBPGR), Rome, Italy. <http://www.ipgri.cgiar.org/publications/HTMLPublications/209/index.htm>
- Brush S.B., 1991. A farmer-based approach to conserving crop germplasm. *Economic Botany* 45: 153–165.
- Brush S.B., Taylor J.E., Bellon M.R., 1992. Biological diversity and technology adoption in Andean potato agriculture. *Journal of Development Economics* 39: 365-387.
- Boun T. L., Souaré D., Bah E. S., Bayo L., 2001. Analyse diagnostic des systèmes de production de riz en Guinée. Rapport de synthèse. 184 p.

- Ceccarelli S., Grando S., Singh M., Michael M., Shikho A., Al Issa M., Al Saleh A., Kaleonjy G., Al Ghanem S.M., Al Hasan A.L., Dalla H., Basha S., Basha T., 2003. A Methodological Study on Participatory Barley Breeding II Response to Selection. *Euphytica* 133, 185-200.
- Cooper D., Velve R., Hobbelink H., 1992. Growing diversity – Genetics Resources and local food security. GRAIN, IT Publications, London, 166 p.
- Curade G., 1987. Les enjeux de l'amélioration variétale pour l'agriculture des pays en développement. *In* Les ressources génétiques végétales atout pour le développement ? (Ouvrage réalisé à l'occasion d'une rencontre entre chercheurs et journalistes d'information scientifique) sous la coordination de Alaux J-P., p : 111-128.
- De Kochko A., Koffi G., 1982. Rapport de mission. Prospection des variétés traditionnelles et des espèces sauvages de riz en en république populaire et révolutionnaire de Guinée, 17 Novembre – 22 décembre 1982. 16 p.
- Dennis J.V., 1987. Farmer management of rice variety diversity in northern Thailand. Cornell University
- FAO 1996. Report of the International technical Conference on Plant Genetic Resources, Leipzig, Germany. 17-23 June 1996.
- FAO, 1989. Ressources phylogénétiques : leur conservation *in situ* au service des besoins humains. FAO. Rome, 38 p.
- FAO, 1991. Stratégies pour l'établissement d'un réseau d'aires de conservation *in situ*. FAO. CPGR, 7 p.
- Frankel O.H., Bennett E., 1970. Genetic resources in plants – their exploration and conservation. F.A. Davis Co, Philadelphia.
- Frankel O.H., 1976. Natural variation and its conservation. *in* Genetic diversity in plants, Muhammed A.; Aksel R. and Von Borstel (eds), Plenum, New York, 31-44.
- Ghesquière A., Second G., 1983. Polymorphisme enzymatique et évolution d'*Oryza sativa* en Afrique. *In Colloque Electrophorèse et taxonomie*. Société Zoologique de France, 83-90.
- Godon P., 1991. Histoires de riz : les variétés. Publié dans Kalum-scop, bulletin trimestriel de la Mission Française de Coopération et d'Action Culturelle, Conakry, Guinée. p 6.
- Goldringer I., Enjalbert J., David J. L., Paillard S., Pham J-L., Brabant P., 2000. Dynamic management of genetic resources: a 13 years experiment on wheat. *In* "Broadening the Genetic Bases of Crop Production" (H. D. Cooper, C. Spillane, and T. Hodgkin, Eds.), pp. 245-259, CAB International.
- Hammer K., Knupffer H., Xhuveli L., Perrino P., 1996. Estimating genetic erosion in landraces - two case studies. *Genetic Resources and Crop Evolution* 43: 329-336.
- Heim F., Capus G., Fauchère A. Heim de Balsac R., Lami R. Passelègue G., 1925. Riz et riziculture. Vol. I (Fasc.1)19 p: 235-253.
- IPGRI, 1993. Diversity for development: the strategy of the international plant genetic Resources Institute. Rome: International Plant Genetic Resources Institute.
- Jacquot et Arnaud, 1980. Classification numérique de variétés de riz. *Agronomie tropicale* XXXIV-2. p: 157 – 163
- Jones M. P., Dingkun M., Aluko A G.K & Semon M., 1996. Using backcrossing and doubled haploid breeding to generate weed competitive rices from *Oryza sativa* L x *Oryza glaberrima* Steud. *Gepools in Hybridations interspecifiques*. ADRAO, Bouaké (Côte d'Ivoire): 62-79.
- Kshirsagar K.G., Pandey S., Bellon M.R., 2002. Farmer Perceptions, Varietal Characteristics and Technology Adoption – A Rainfed Rice Village in Orissa. *Economic and Political Weekly*, October, p: 1239-1246

- Kshirsagar K.G., Pandey S., 1997. Diversity of Rice Cultivars in a Rainfed Village in the Orissa State of India. USING DIVERSITY Enhancing and Maintaining Genetic Resources On-farm sous la direction de Louise Sperling et Michael Loevinsohn CRDI 1997 ISBN 0-88936-833-3.
- Lando R.P., Mak S., 1994. Cambodian farmers decisionmaking in the choice of traditional rainfed lowland rice varieties. In 'IRRI Research paper'. pp. 15. (IRRI: Los banos)
- Lambert, D.H., 1985. Swamp Rice Farming: The Indigenous Pahang Malay Agricultural System. Boulder and London: Westview Press.
- Louette, D., 1994. Gestion traditionnelle de variétés de maïs dans la Réserve de la Biosphère Sierra de Manatlan (RBSM, états de Jalisco et Colima, Mexique) et conservation in situ des ressources génétiques de plantes cultivées. Thèse de l'Ecole Nationale Supérieure Agronomique de Montpellier.
- Maguran, A.E., 1988. Ecological Diversity and mesurment. Priceton University Press, Princeton, NJ, USA)
- Matlon P. J., 1983. The technical potential for increased food production in the West African Semi-arid tropics, ICRISAT Conference paper n° 193 presented at the conference on accelerating Agricultural growth in Sub-Saharan Africa, IFRI, 29 August – 1 September 1983, Victoria Falls, Zimbabwe.
- Morin SR, M Calibo, M Garcia-Belen, JL Pham & F Palis (2002) Natural Hazards and Genetic Diversity in Rice. Agriculture and Human Values 19: 133-149.
- McKey, D., L. Empeaire, M. Elias, F. Pinton, T. Robert, S. Desmoulière, & L. Rival. (2001). Gestions locales et dynamiques régionales de la diversité variétale du manioc en Amazonie. Génétique, Sélection et Evolution 33 (supplement 1): S465-S490.
- Miezan K. , Ghesquère A., 1986. Genetic stucture of african traditional rice cultivars. *in Rice genetics symposium*. International Rice Research Institute. 17 : 91 – 107.
- Ochoa, C. 1975. Potato collecting expeditions in Chile, Bolivia and Peru, and the genetic erosion of indigenous cultivars. *In Crop Genetic Resources for Today and Tomorrow*. International Biological Programme 2. O. H. Frankel and J. G. Hawkes, eds. Cambridge: Cambridge University Press. Pages 167-173.
- Ollitrault P., Noyer J-L, Chantereau J., Glaszman J.C., 1997. Structure génétique et dynamique des variétés traditionnelles de Sorgho au Burkina-Faso. *In* : Begic A (ed) gestion des ressources génétiques des plantes cultivées en Afrique des savanes. IER-BRG Solagral, Bamako, Mali, p: 231-240
- Ortiz, R. 1999. Genetic diversity of cultivated crops and in situ conservation of genetic resources. *Botanica Lithuanica Supplementum* 2: 15-30.
- Patil G. P., Taillie C., 1982. Diversity as a concept and its measurement. *Journal of the American Statistical Association*, Vol. 77, N° 379, 548-561.
- Pernes J., 1984. Gestion des ressources génétiques des plantes. Tome I. Monographies, 212 p, Tome II. Manuel, 346 p. ACCT, Paris.
- Pernes J., Louard M., 1984. Organisation des complexes d'espèces. *in* Pernes J. (eds) ; Gestion des ressources génétiques des plantes. Tome II. Manuel, 346 p., ACCT, Paris.
- Pham J-L., 1992. Evaluation des ressources génétiques des riz cultivés en Afrique par hybridation intra- et interspécifique. Mémoire de Thèse de Doctorat, Université de Paris XI - Orsay. 132 p.
- Pham J-L., Morin S. R., Sebastian L.R., Abrigo G. A, Calibo M. A., Quilloy S. M, Hipolito L., Jackson M. T., 2002. Rice farmers and genebanks: a case study in the Cagayan valley, Philippines. *In: Managing plant genetic diversity*, ed. by J. M. M. Engels, et al., p. 149-159, ill. Wallingford, Oxon, UK; New York: CABI Publishing, 2002.
- Plucknett D. L., Smith N. J. H., Williams J. T., Anishetty N. M., 1987. Gene banks and the world's food. Princeton Univ. Press, Princeton, NJ. 247 p.

- Portères R., 1956. Taxonomie agrobotanique des riz cultivés *O. sativa* Linné et *O. glaberrima* Steudel. Journal d'Agriculture Tropical et de Botanique Appliquées 3: 341, 541, 627, 821.
- Portères R., 1966. Les noms des riz en Guinée. Journal d'agriculture tropicale et de botanique applique, 13.
- Puchalski et al., 1991. Studies on genetic shift in rye seed after long-term storage in seed bank, *In Crop networks: searching for new concepts for collaborative genetic resources management*, IBPGR, Rome 1991, p. xi. <http://www.ipgri.cgiar.org/publications/pdf/353.pdf>.
- Qualset C.O., Damania A.B., Zanatta A.C.A., Brush S.B., 1997. Locally based crop plant conservation. Pages 160–175 in Maxted N, Ford-Lloyd BV, Hawkes JG, eds. Plant Genetic Conservation: The In Situ Approach. London: Chapman and Hall.
- Reano R., Pham J-L., 1998. Does cross-pollination occur during seed regeneration at the International Rice Genebank? *International Rice Research Notes*, 23: 5-6.
- Salick J., Cellinese N., Knapp S., 1997. Ingenous diversity of cassava: Generation, maintenace, use and loss maong the Amuesha, Peruvian upper Amazon. *Economic Botany* 51 (1), 6-19
- Sanou J., 1996. Analyse de la variabilité génétique des cultivars locaux de maïs de la zone de savane Ouest africaine en vue de sa gestion et de son utilisation. Thèse de Doctorat de l'Ecole Nationale Supérieure Agronomoque de Montpellier.
- Second, 1985. Relations évolutives chez le genre *Oryza* et processus de domestication. ORSTOM, Paris, Paris, collection étude et thèses, 189 p.
- Semon M., Nielsen R., McCouch S.R., 2004. The Population Structure of African Cultivated rice *Oryza Glaberrima* (Steud). Evidence for elevated levels of LD caused by Admixture with *O. sativa* and ecology adaptation. 2004. *Genetics* : 104. 033175.
- Simpson E. H., 1947. Measurement of diversity. *Nature* 163-688
- Simpson R.D., 2002. Definitions of Biodiversity and measures of its value. Resources For the Future : <http://www.rff.org/documents/RFF-DP-02-62.pdf>
- Singh R.K., 1999. Genetic resource and the role of international collaboration in rice breeding. *Genome* 42: 635–641.
- Sirbanchongkran A., Yimyam N., Boonma W., Rerkasem K., Coffey K., Pinedo-Vasquez M., Padoch C., 2004. Varietal turnover and seed exchange: implications for conservation of rice genetic diversity on farm. *International Rice Research Notes* 29(2): 12-14.
- SNSA 1999. Enquête agricole 1997 - 1998, Résultats - MAEF, SNSA, 176 p.
- Vaughan D.A., Chang T.T., 1992. *In situ* conservation of rice genetic resources. *Economic Botany* 46, 368–383
- Vernooy R., 2003. « Les semences du monde » [http://www.idrc.ca/fr/ev-30566-201-1-DO\\_TOPIC.html](http://www.idrc.ca/fr/ev-30566-201-1-DO_TOPIC.html).
- Wright S., 1978. Evolution and the genetics of populations. Vol. 4. Variability within and among natural population. University of Chicago Press., Chicago
- Wright M., Turner, 1999. Seed management systems and effects on diversity. *In*, *Agrobiodiversity : Characcterization, Utilization and manahgement*, ed. D. Wood and J. M. Lenné, CABI. pp 331-354
- Wood D., Lenné J.M., 1993. Dynamic management of domesticated biodiversity by farming communities. pp. 84-98. Proceedings of the norway/UNEP Expert Conference on Biodiversity, Trondheim, May.
- Zeven (1998) à trouver (définition variétés)

Zhu Y., Wang Y., Chen H., Lu B-R, 2003. Conserving Traditional Rice Varieties through Management for Crop Diversity in *BioScience*, Volume 53, Number 2, 1 February 2003, pp. 158-162.

## **ANNEXES**

## Annexes

### Liste des 171 accessions collectées dans 14 villages de la Guinée maritime et leurs données passeports.

N° Ech.	Nom variété	Esp	Nom paysan	Villages	Nom Sous-préfecture/ préfecture
1	ADRAO	Os	Abdourahmane BAH	Horé Lafou	Sangarédi/Boké
2	Kountoubou	Os	Mamadou BARRY	Horé Lafou	Sangarédi/Boké
3	Bensané	Os	Mamadou BARRY	Horé Lafou	Sangarédi/Boké
4	Yaata marsé	Os	Mamadou Saliou BAH	Horé Lafou	Sangarédi/Boké
5	Bâlima	Og	Mamadou Saliou BAH	Horé Lafou	Sangarédi/Boké
6	Poudar	Os	Mamadou Saliou BAH	Horé Lafou	Sangarédi/Boké
7	Kogna Ranè	Og	Alhassane BAH	Horé Lafou	Sangarédi/Boké
8	Sodaguiri	Os	Souleymane BAH	Horé Lafou	Sangarédi/Boké
9	Kountoubou	Os	Mamadou Aliou Kanté	Lafou Baïla	Sangarédi/Boké
10	Sans Nom	Os	Mamadou Sylla	Saraya	Tondon/Dubréka
11	Kaoulaka	Os	Mamadou Sylla	Saraya	Tondon/Dubréka
12	Dali Fodé	Os	Mamadou Sylla	Saraya	Tondon/Dubréka
13	Toundébö	Os	Bakar Koumbassa	Kantchrott	Dabis/Boké
14	Gnéli Malé	Og	Khady Ansou	Kenedè Koroba	Tamita/Dubréka
15	Guilambö	Os	Khady Ansou	Kenedè Koroba	Tamita/Dubréka
16	Tambaka	Og	Khady Ansou	Kenedè Koroba	Tamita/Dubréka
17	Sali Forè	Og	Khady Ansou	Kenedè Koroba	Tamita/Dubréka
18	Rok 5	Os	Khady Ansou	Kenedè Koroba	Tamita/Dubréka
19	CK 72	Os	Alia Sylla	Kenedè Koroba	Tamita/Dubréka
20	Bili kéren	Os	Alia Sylla	Wassou/Dubréka	Wassou/Dubréka
21	Bötégölé	Os	Alia Sylla	Wassou/Dubréka	Wassou/Dubréka
22	Minikoui	Os	Alia Sylla	Wassou/Dubréka	Wassou/Dubréka
23	Balanta	Os	Alia Sylla	Wassou/Dubréka	Wassou/Dubréka
24	Makéni	Os	Yagouba Camara	Yenya Centre	Tamita/Dubréka
25	Guilambö	Os	Yagouba Camara	Yenya Centre	Tamita/Dubréka
26	Samban Konko	Os	Yagouba Camara	Yenya Centre	Tamita/Dubréka
27	Gnéli Malé	Og	Mamadouba Camara	Yenya Centre	Tamita/Dubréka
28	Boubouya	Os	Mamadouba Camara	Horé Lafou	Sangarédi/Boké
29	Sali Forè	Og	Yagouba Camara	Yenya Centre	Tamita/Dubréka
30	Dissi kōnō	Os	Youssouf Camara	Mokéfoton	Colia/Boffa
31	Khōgnèguinè	Og	Abou Conté	Mokéfoton	Colia/Boffa
32	Kōlō Malé	Os	Abou Camara	Mokéfoton	Colia/Boffa
33A	Dissi	Og	Alpha Conté	Mokéfoton	Colia/Boffa
33B	Dissi	Og	Alpha Conté	Mokéfoton	Colia/Boffa
34	Binyè gbély	Og	Mikaïlou Conté	Mokéfoton	Colia/Boffa
35A	Mamou	Os	Kalidou Bangoura	Mokéfoton	Colia/Boffa
35B	Mamou	Os	Kalidou Bangoura	Mokéfoton	Colia/Boffa
36	Saagnakhi	Og	Ali Conté	Mokéfoton	Colia/Boffa
37	Djou kèchè	Os	Abou Soumah	Mokéfoton	Colia/Boffa
38	Baga Malé Fikhè	Og	Ibrahima Camara	Katako	Bintoumodia/Boké
39	Depa	Os	Aïssata Sampo	Kantchrott	Dabis/Boké
40	Kimbeli	Og	Therno Nyaïssa	Kantchrott	Dabis/Boké
41A	Mawapou	Os	Therno Nyaïssa	Kantchrott	Dabis/Boké
41B	Mawapou	Os	Therno Nyaïssa	Kantchrott	Dabis/Boké
42	BeppinaDjouKèchè	Os	Therno Nyaïssa	Kantchrott	Dabis/Boké
43	Wassolon	Os	Mamadou Compo	Kantchrott	Dabis/Boké
44	Lissi Lissi	Og	Mamadou Compo	Kantchrott	Dabis/Boké
45	CK 21	Os	Saïfou Sylla	Kenedè Koroba	Tamita/Dubréka
46	Samanden	Og	Abdourahmane BAH	Horé Lafou	Sangarédi/Boké
47	Samanden Bhalé	Og	Abdourahmane BAH	Horé Lafou	Sangarédi/Boké
48	Thiana	Os	Abdourahmane BAH	Horé Lafou	Sangarédi/Boké
49	Bamban Koularou	Os	Abdourahmane BAH	Horé Lafou	Sangarédi/Boké
50	Bakō	Os	Idrissa Bah	Horé Lafou	Sangarédi/Boké



Liste des 171 accessions collectées dans 14 villages de la Guinée maritime et leurs données passeports (suite).

N° Ech.	Nom variété	Esp	Nom paysan	Villages	Nom Sous-préfecture/préfecture
51	Djou kèchè	Os	Alhassane BAH	Horé Lafou	Sangarédi/Boké
52	Mörömi	Os	Alhassane BAH	Horé Lafou	Sangarédi/Boké
53	Tönsogni	Os	Souleymane BAH	Horé Lafou	Sangarédi/Boké
54A	Djou kèchè	Os	Therno Nyaïssa	Kantchrott	Dabis/Boké
54B	Djou kèchè	Os	Therno Nyaïssa	Kantchrott	Dabis/Boké
55	Alay MoudébakhiF	Os	Boundou Camara	Wassou/Dubréka	Wassou/Dubréka
56	Moriadi	Os	Ibrahima Sylla	Wassou/Dubréka	Wassou/Dubréka
57	BA8A	Os	Abou Touré	Wassou/Dubréka	Wassou/Dubréka
58	Elhadj Moudébakhi	Os	Abou Touré	Wassou/Dubréka	Wassou/Dubréka
59	Balanta	Os	Abou Touré	Wassou/Dubréka	Wassou/Dubréka
60	Caroline	Os	Abou Touré	Wassou/Dubréka	Wassou/Dubréka
61	Missi Missi	Os	Abou Touré	Wassou/Dubréka	Wassou/Dubréka
62	Toya	Os	Tö Sylla	Katép	Koba/Boffa
63	Dissi Gbéli	Os	Fodé Camara	Katép	Koba/Boffa
64	Sans Nom	Os	Sadaby Camara	Katép	Koba/Boffa
65	Kablack	Os	Sadaby Camara	Katép	Koba/Boffa
66	Rok 5	Os	Sadaby Camara	Katép	Koba/Boffa
67	Carya	Os	Tata Aboudou Camara	Katép	Koba/Boffa
68	Kaoulaka Gbéli	Os	Tata Aboudou Camara	Katép	Koba/Boffa
69	Kaoulaka Fikhè	Os	Alia Sylla	Katép	Koba/Boffa
70	Wonkifong Fikhè	Os	Lansana Camara	Katép	Koba/Boffa
71	Sans nom tiré Rok 5	Os	Marie Sylla	Katép	Koba/Boffa
72A	Sans Nom	Os	Marie Sylla	Katép	Koba/Boffa
72B	Sans Nom	Os	Marie Sylla	Katép	Koba/Boffa
73	Sali Gbeli	Og	Yagouba Camara	Yenya Centre	Tamita/Dubréka
74	Sali Forè	Og	Sékhou Camara	Saraya	Tondon/Dubréka
75	Merkini	Os	Sékhou Camara	Saraya	Tondon/Dubréka
76	Tambaka	Og	Abdou Camara	Saraya	Tondon/Dubréka
77	Andisco	Os	Sékhou Camara	Saraya	Tondon/Dubréka
78	Caroline	Os	Sékhou Camara	Saraya	Tondon/Dubréka
79	Sali Forè	Og	Sékhou Camara	Saraya	Tondon/Dubréka
80	Dissi Pala	Os	Sékhou Camara	Saraya	Tondon/Dubréka
81	Samanden	Os	Mamadou Camara	Kantchrott	Dabis/Boké
82	Messèmessè	Os	Younoussa Coumbassa	Kantchrott	Dabis/Boké
83	Yimbaya	Os	Younoussa Coumbassa	Kantchrott	Dabis/Boké
84A	Massouba	Os	Mamadou Compo	Kantchrott	Dabis/Boké
84B	Massouba	Os	Mamadou Compo	Kantchrott	Dabis/Boké
85	Fafendé	Os	Mamadou Compo	Kantchrott	Dabis/Boké
86	Mawouyon	Os	Sana Coumbassa	Kantchrott	Dabis/Boké
87	Mörömi	Os	Daouda Coumbassa	Kantchrott	Dabis/Boké
88	Massékhou	Os	Therno Nyaïssa	Kantchrott	Dabis/Boké
89	Guilambö	Os		Mokéfoton	Colia/Boffa
90	Kheyboudè	Og	Mamadouba Camara	Mokéfoton	Colia/Boffa
91	Touna goudè	Os	Abdoulaye Soumah	Mokéfoton	Colia/Boffa
92	Missi Missi	Os	Lansana Sylla	Thia	Boffa Centre/Boffa
93	Saamoun Fikhè	Os	Lansana Sylla	Thia	Boffa Centre/Boffa
94	Malé Gbéli	Og	Youssouf Sylla	Thia	Boffa Centre/Boffa
95	Malé Forè	Og	Youssouf Sylla	Thia	Boffa Centre/Boffa
96	M'Ma Binty	Os	Naby Soumah	Kifinda	Tougnifily/Boffa
97	Matiny	Os	Naby Soumah	Kifinda	Tougnifily/Boffa
98	Kinsampéna	Os	Aïssata Bangoura	Kifinda	Tougnifily/Boffa
99	Lakhatanyi	Os	Aboubacar Soumah	Kifinda	Tougnifily/Boffa
100	Khöbè	Os	Amara Camara	Kifinda	Tougnifily/Boffa
101A	War 73	Os	Malik Camara	Kifinda	Tougnifily/Boffa
101B	War 73	Os	Malik Camara	Kifinda	Tougnifily/Boffa

Liste des 171 accessions collectées dans 14 villages de la Guinée maritime et leurs données passeports  
(suite)

N° Ech.	Nom variété	Esp	Nom paysan	Villages	Nom Sous-préfecture/ préfecture
102A	War 77	Os	Malik Camara	Kifinda	Tougnifily/Boffa
102B	War 77	Os	Malik Camara	Kifinda	Tougnifily/Boffa
103	B38 D2	Os	Malik Camara	Kifinda	Tougnifily/Boffa
104	Djögöya	Os	Malik Camara	Kifinda	Tougnifily/Boffa
105	Mafoudia	Os	Souzaneferen Bangoura	Katako	Bintoumodia/Boké
106A	Tagna	Os	Vivent Bangoura	Katako	Bintoumodia/Boké
106B	Tagna	Os	Vivent Bangoura	Katako	Bintoumodia/Boké
107	Tiani		Vivent Bangoura	Katako	Bintoumodia/Boké
108A	Abdourahmane	Os	Diminka Bangoura	Katako	Bintoumodia/Boké
108B	Abdourahmane	Os	Diminka Bangoura	Katako	Bintoumodia/Boké
109A	Dembayaragata	Os	Jean Michel Camara	Katako	Bintoumodia/Boké
109B	Dembayaragata	Os	Jean Michel Camara	Katako	Bintoumodia/Boké
110	M'Mamy	Os	M'Mamy Camara	Katako	Bintoumodia/Boké
111A	CK 73	Os	Vivent Bangoura	Katako	Bintoumodia/Boké
111B	CK 73	Os	Vivent Bangoura	Katako	Bintoumodia/Boké
112	Baga Forè	Og	Vivent Bangoura	Katako	Bintoumodia/Boké
113	Missi Missi	Os	Vivent Bangoura	Katako	Bintoumodia/Boké
114	Rok 5	Os	Vivent Bangoura	Katako	Bintoumodia/Boké
115	Ancre	Os	Vivent Bangoura	Katako	Bintoumodia/Boké
116	Vincent	Os	Vivent Bangoura	Katako	Bintoumodia/Boké
117	Baga Malé Fikhè	Og	Vivent Bangoura	Katako	Bintoumodia/Boké
118	Bani Malé	Os	Vivent Bangoura	Katako	Bintoumodia/Boké
119A	Koumbouya	Os	Vivent Bangoura	Katako	Bintoumodia/Boké
119B	Koumbouya	Os	Vivent Bangoura	Katako	Bintoumodia/Boké
119C	Koumbouya	Os	Vivent Bangoura	Katako	Bintoumodia/Boké
119D	Koumbouya	Os	Vivent Bangoura	Katako	Bintoumodia/Boké
120	Tagna	Os	Ali Bangoura	Kaboguéssy	Kamsar/Boké
121	Mafoudia	Os	Abdoul Karim Bangoura	Kaboguéssy	Kamsar/Boké
122	Ancre	Os	Alpha Camara	Kaboguéssy	Kamsar/Boké
123	Balanta	Os	Alpha Camara	Wassou/Dubreka	Wassou/Dubreka
124	Ancre Forè	Os	Issa Conté	Kaboguéssy	Kamsar/Boké
125A	Pòmou	Os	Djiby Bangoura	Kaboguéssy	Kamsar/Boké
125B	Pòmou	Os	Djiby Bangoura	Kaboguéssy	Kamsar/Boké
125C	Pòmou	Os	Djiby Bangoura	Kaboguéssy	Kamsar/Boké
126	Koundara	Os	Djiby Bangoura	Kaboguéssy	Kamsar/Boké
127	Nyeli Malé	Os	Mamadouba Bangoura	Kaboguéssy	Kamsar/Boké
128A	B38 D2	Os	Souleymane Sylla	Kaboguéssy	Kamsar/Boké
128B	B38 D2	Os	Souleymane Sylla	Kaboguéssy	Kamsar/Boké
129A	Sapklé	Os	Hamidou Conté	Kaboguéssy	Kamsar/Boké
129B	Sapklé	Os	Hamidou Conté	Kaboguéssy	Kamsar/Boké
130	Kablack	Os	Aly Bangoura	Kaboguéssy	Kamsar/Boké
131	Baga Malé	Og	Ali Bangoura	Kaboguéssy	Kamsar/Boké
132	Khindia Fikhè	Os	Sana Camara	Kaboguéssy	Kamsar/Boké
133	Fria	Os	Habibou Keita	Katako	Bintoumodia/Boké
134	Mambödy	Os	Michel Camara	Katako	Bintoumodia/Boké
135	Mambödy	Os	Ali Togbo Bangoura	Katako	Bintoumodia/Boké
136	Kolognetch	Os	Ali Togbo Bangoura	Katako	Bintoumodia/Boké
137	Bili kéren	Os	Ali Togbo Bangoura	Katako	Bintoumodia/Boké
138	Balanta Malé	Os	Alphréd Bangoura	Katako	Bintoumodia/Boké
139	Djou kèchè	Os	Therno Nyaïssa	Kantchrott	Dabis/Boké
140	Mörömi	Os	Idrissa Bah	Horé Lafou	Sangarédi/Boké
141	Din Kéren	Os	Idrissa Bah	Horé Lafou	Sangarédi/Boké
142	Djou kèchè	Os	Mamadou Aliou Kanté	Lafou Baïla	Sangarédi/Boké
143	Samanden	Og	Mamadou Aliou Kanté	Lafou Baïla	Sangarédi/Boké
144	Mörömi	Os	Mdou Lamarana Diallo	Lafou Baïla	Sangarédi/Boké

Liste des 171 accessions collectées dans 14 villages de la Guinée maritime et leurs données passeports  
(suite)

N° Ech.	Nom variété	Esp	Nom paysan	Villages	Nom Sous-préfecture/préfecture
145A	Bensané	Os	Yéro Baïlo Kanté	Lafou Baïla	Sangarédi/Boké
145B	Bensané	Os	Yéro Baïlo Kanté	Lafou Baïla	Sangarédi/Boké
146	Thiana	Os	Bilaly Camara	Lafou Baïla	Sangarédi/Boké
147	Mambambé	Os	Eloi Bangoura	Katako	Bintoumodia/Boké
148	Oscar	Os	Eloi Bangoura	Katako	Bintoumodia/Boké
149	Malé Gbeli	Os	Joseph Coutoule	Katako	Bintoumodia/Boké
150	Kimar	Os	Joseph Coutoule	Katako	Bintoumodia/Boké
151	Sans Nom	Os	Joseph Coutoule	Katako	Bintoumodia/Boké
152	Kissóssö	Os	Mamadouba Camara	Kifinda	Tougnifily/Boffa
153	Tankörö Forè	Os	Mamadou Camara	Kifinda	Tougnifily/Boffa
154	Caroline	Os	Abdoul Karim Camara	Douprou	Douprou/Boffa
155	Marissan	Os	Abdou Mayéni Camara	Douprou	Douprou/Boffa
156	Malè Forè	Os	Abdoul Karim Camara	Douprou	Douprou/Boffa
157	RD 15	Os	Abdoulaye Bangoura	Douprou	Douprou/Boffa
158	Kamtess	Os	Abdou Conté	Douprou	Douprou/Boffa
159A	M'Bambé	Os	Abou Conté	Douprou	Douprou/Boffa
159B	M'Bambé	Os	Abdou Conté	Douprou	Douprou/Boffa
160	Sans Nom	Os	Soriba Touré	Douprou	Douprou/Boffa
161A	Katako	Os	Abou Conté	Douprou	Douprou/Boffa
161B	Katako	Os	Abou Conté	Douprou	Douprou/Boffa
162	Barka Madina	Os	Elh. Mamadouba Conté	Douprou	Douprou/Boffa
163	Kinsampéna	Os	Soriba Touré	Douprou	Douprou/Boffa
164	Manènè	Os	Salifou Décidé Sylla	Douprou	Douprou/Boffa
165	Kablack	Os	Abdoulaye Bangoura	Douprou	Douprou/Boffa
166	Samban Konko	Os	Salifou Décidé Sylla	Douprou	Douprou/Boffa
167	Khörinkhörinyi	Os	Abdoulaye Bangoura	Wassou/Dubréka	Wassou/Dubréka
168A	Alay MoudébakhiF	Os	Abdoulaye Bangoura	Wassou/Dubréka	Wassou/Dubréka
168B	Alay MoudébakhiF	Os	Abdoulaye Bangoura	Wassou/Dubréka	Wassou/Dubréka
169	Alay Moudébakhi	Os		Wassou/Dubréka	Wassou/Dubréka
170	Nylon	Os	Mriama Soumah	Wassou/Dubréka	Wassou/Dubréka
171	Barka Madina	Os	Aïssata Bangoura	Kifinda	Tougnifily/Boffa

Liste des accessions étudiées en intra variétale dans les deux villages d'étude : Kifinda et Kantchrott

N° collection	N° référence	N° accession	Nom paysan	Village*	Espèce	Type plant
172	1	Djou Kèmè	1 Djibril Biaye	Kantchrott	Sativa	Traditionnel
173	2	Mörömi	2 Djibril Biaye	Kantchrott	Sativa	Traditionnel
174	3	Saagnakhi	3 Djibril Biaye	Kantchrott	Glaberrima	Traditionnel
175	4	Beppina Djou Kèmè	4 Djibril Biaye	Kantchrott	Sativa	Traditionnel
176	5	Djou Kèmè	5 Thernö Nyaïssa	Kantchrott	Sativa	Traditionnel
177	6	Messè Messè	6 Thernö Nyaïssa	Kantchrott	Sativa	Traditionnel
178	7	Fafendé	7 Thernö Nyaïssa	Kantchrott	Sativa	Traditionnel
179	8	Conakry	8 Thernö Nyaïssa	Kantchrott	Sativa	Traditionnel
180	9	Mawapou	9 Thernö Nyaïssa	Kantchrott	Sativa	Traditionnel
181	10	Djou Kèmè	10 Daouda Koumbassa	Kantchrott	Sativa	Traditionnel
182	11	Samanden	11 Daouda Koumbassa	Kantchrott	Glaberrima	Traditionnel
183	12	Djou Kèmè	12 Abdoulaye Tounkara	Kantchrott	Sativa	Traditionnel
184	13	Köndön	13 Abdoulaye Tounkara	Kantchrott	Glaberrima	Traditionnel
185	14	Mörömi	14 Abdoulaye Tounkara	Kantchrott	Sativa	Traditionnel
186	15	Djögöya	22 Abou CAMARA	Kifinda	Sativa	Traditionnel
187	16	B38D2	23 Abou CAMARA	Kifinda	Sativa	Amélioré
188	17	Kaoulaka	24 Abou CAMARA	Kifinda	Sativa	Traditionnel
189	18	Yampony	25 Abou CAMARA	Kifinda	Sativa	Traditionnel
190	19	War73	26 Abou CAMARA	Kifinda	Sativa	Amélioré
191	20	Katako	27 Abou CAMARA	Kifinda	Sativa	Traditionnel
192	21	Kissosso	28 Abou CAMARA	Kifinda	Sativa	Traditionnel
193	22	Kinsampéna	29 Abou CAMARA	Kifinda	Sativa	Traditionnel
194	23	Barka Madina	30 Abou CAMARA	Kifinda	Sativa	Traditionnel
195	24	Guinë Kobi	31 Amara CAMARA	Kifinda	Sativa	Traditionnel
196	25	Manènè	32 Amara CAMARA	Kifinda	Sativa	Traditionnel
197	26	B38D2	33 Amara CAMARA	Kifinda	Sativa	Amélioré
198	27	Djögöya	34 Amara CAMARA	Kifinda	Sativa	Traditionnel
199	28	Kaoulaka	35 Amara CAMARA	Kifinda	Sativa	Traditionnel
200	29	WAR73	36 Amara CAMARA	Kifinda	Sativa	Amélioré
201	30	WAR77	37 Amara CAMARA	Kifinda	Sativa	Amélioré
202	31	Khobè	38 Amara CAMARA	Kifinda	Sativa	Traditionnel
203	32	Koba	39 Amara CAMARA	Kifinda	Sativa	Traditionnel
204	33	Fodè Linsény	40 Amara CAMARA	Kifinda	Sativa	Traditionnel
205	34	Kissosso	41 Amara CAMARA	Kifinda	Sativa	Traditionnel
206	35	Kinsampéna	42 Amara CAMARA	Kifinda	Sativa	Traditionnel
207	36	Djögöya	43 Yaya CAMARA	Kifinda	Sativa	Traditionnel
208	37	Kinsampéna	44 Yaya CAMARA	Kifinda	Sativa	Traditionnel
209	38	Tankoro	45 Babara BANG	Kifinda	Sativa	Traditionnel
210	39	Yampony	46 Babara BANG	Kifinda	Sativa	Traditionnel
211		Kondon	15 Abdoulaye CAMARA	Kantchrott	Glaberrilma	Traditionnel
212		Conakry	16 Saliou KOUMBASSA	Kantchrott	Sativa	Traditionnel
213		Conakry	17 Amara KALTAMBA	Kantchrott	Sativa	Traditionnel
214		Samenden	18 Mamadou CAMARA	Kantchrott	Glaberrilma	Traditionnel
215		Sagnakhi	19 Abou CAMARA	Kantchrott	Glaberrilma	Traditionnel
216		Sagnakhi	20 Adama KOUMBASSA	Kantchrott	Glaberrilma	Traditionnel
217		Sagnakhi	21 Amadou CAMARA	Kantchrott	Glaberrilma	Traditionnel

\* Village Kantchrott en écosystème pluvial et Village de Kifinda en écosystème inondé

## Protocole expérimental et descripteurs morfo physiologiques

Le dispositif expérimental est un blocs complets randomisés à trois répétitions. La parcelle élémentaire est constituée de 3 lignes de 5 m de long espacées de 50 cm. Le semis a été réalisé à raison d'une graine ou d'un plant par poquet avec un espacement de 50 cm. Cette évaluation est similaire à celle utilisé par Bezançon (1994). Les techniques culturales sont celles de la région, elles ont été réalisées manuellement à l'exception du labour qui a été effectué au tracteur. Ces techniques sont complétées par un apport de 150 kg de NPK (15 %) et 2 kg de d'herbicide (Londax) par ha.

### - Descripteurs qualitatifs

Descripteurs	Stade d'observation	Modalités d'observation
1- Couleur gaine au collet plantule	Plantule	1 = Coloré ; 2 = non coloré
2- Présence de la ligule	Début maturité	1 = présence ; 2 = Absence
3- Exsertion paniculaire	Début maturité	1 = Bonne ; 2 = Assez bonne ; 3 = mauvaise
4- Pubescence des feuilles	Début maturité	1= glabre ; 2 = intermédiaire ; 3 = pubescent
5- Port de la feuille paniculaire	Début maturité	1- érigé ; 2 semis érigé ; 3 = Retombante
6- Port de la panicule	Maturité	1- érigé ; 2 semis érigé ; 3 = Retombante
7- Compacité de panicule	Maturité	= Compact ; 5 = intermédiaire ; 9 = ouvert
8- Sensibilité à la verse	Maturité	1- Résistant ; Sensible ; Très sensible
9- Ramification secondaire panicule	Maturité au laboratoire	1- Très nombreuses ; 2- nombreuses ; 3- peu nombreuse ; 4- absence
10- Sensibilité à l'égrenage	Maturité au laboratoire	1- Résistant ; Sensible ; Très sensible
11- Aristation	Maturité au laboratoire	1- Mutique ; 2- Aristé ; 3- Aristulé ; 4- Barbue
12- Couleur de l'apex	Maturité au laboratoire	1- Coloré ; 2- Non coloré
13- Couleur des glumelles	Maturité au laboratoire	1- paille ; 2- fauve ; 3- rouge ; 4- noir ; 5- Ancre
14- Couleur du caryopse	Maturité au laboratoire	1- blanche ; 2- rouge ; 3- Cendre

### - Descripteurs quantitatifs<sup>1</sup>

Descripteurs	Stade d'observation	Sous-échantillons	Méthodes de mesure ou de comptage
15- Nbre jours semis - l'épiaison	Floraison 50 %	Ensemble parcelle	
16- Nbre jours semis - maturité	Maturité complète	Ensemble parcelle	Stade 85 % de maturité des grains d'une panicule
17- Nbre talles herbacées	40-50 jours après semis	3 plantes/ligne	Comptage des talles par plante
18- Nbre talles fertiles	Début maturité	3 plantes/ligne	Comptage des panicules par plante
19- Hauteur plante	Début maturité	3 plantes/lignes	Mesurer la hauteur en cm de chaque par plante
20- Longueur feuille paniculaire	Début maturité	3 feuilles/plante/3 plantes	De l'intersection gaine limbe à la pointe de la feuille
21- Longueur panicule	Début maturité	3 feuilles/plante/3 plantes	Au centre de la feuille (plier la feuille en deux)
22- Nbre grains pleins/panicule	Maturité au laboratoire	3 panicules/plante/3 plantes	
23- Nbre grains vides/panicule	Maturité au laboratoire	3 panicules/plante/3 plantes	
24- Nbre total grains/panicule	Calculé		Somme 23 et 22
25- Taux fertilité grains	Calculé en %		24/25 * 100
26- Poids 1000 grains	Maturité au laboratoire	300 graines/plante/3 plantes	Les 300 graines sont tirées au hasard
27- Longueur grain non décortiqué	Maturité au laboratoire	3 graines/plante/3 plantes	Les 3 graines sont tirées au hasard par plante
28- Largeur grain non décortiqué	Maturité au laboratoire	3 graines/plante x 3 plantes	Les 3 graines sont tirées au hasard par plante

Fiche de collecte d'une accession de riz destinée à l'analyse de la diversité régionale Guinée maritime

N° ...../...../...../...../...../ Enquêtes de terrain, Guinée 2001  
 Enquêteur : ..... Région Guinée maritime

Zone agro-écologique . ..... Sous-préfecture :..... .....

Village..... Nom du paysan..... Ethnie : .....

Date : ...../...../...../ Nom variété..... Signification .....

Lieu de collecte Grenier Champ

Plante : O. sativa O. glaberrima

Type d'échantillon Grains Panicules

Habitat : Mangrove Plaine d'eau douce Bas-fonds Pluvial

Type de grain Long Rond

Couleur paddy Fauve Noir Blanc

Couleur caryopse Blanc Rouge Autre

Cycle

Verse Oui Non

Egrenage Très facile Facile Difficile

NB : encercler la bonne réponse

Fiche de collecte d'une accession de riz destinée à l'analyse de la diversité intra variétale dans les deux villages d'étude et de l'érosion génétique dans 6 villages en Guinée maritime

Enquêteur : ..... Région Guinée maritime

Village..... Nom du paysan.....

Date : ...../...../...../ Nom variété.....

Plante : O. sativa O. glaberrima

Habitat : Mangrove Plaine d'eau douce Pluvial

Depuis quelle année avez-vous eu cette variété ?.....  
 Origine de la semence ?.....

Depuis que vous avez commencé à cultiver cette variété, avez-vous changé la semence oui ou non ?.....Si oui, donner le nombre .....et la date du dernier renouvellement de cette semence : .....,

le lieu d'obtention de la semence qui a servi au renouvellement .....

et la personne au près de qui vous avez eu cette semence .....

Pourquoi cette personne ? .....

Cette variété, est-elle la seule à être cultivée dans cette parcelle chaque année, oui ou non ? .....Si non, quelles sont les variétés qui sont cultivées dans cette parcelle au cours des 3 dernières années ? .....

La semence utilisée, a-t-elle été sélectionnée, oui ou non ? .....

La semence utilisée, a-t-elle été mélangée à une autre, oui ou non ? .....Si oui, avec laquelle ?.....

## RESUME

Les pressions qui pèsent sur la diversité biologique (Millenium Ecosystem Assessment, 2005) rendent nécessaire un meilleur suivi de cette dernière. Mieux connaître les dynamiques en cours est indispensable pour détecter des évolutions défavorables et établir des priorités de conservation.

Une analyse spatiotemporelle de la diversité et de la gestion des variétés de riz a été entreprise en Guinée. L'analyse spatiale a été réalisée successivement, et de manière emboîtée, à l'échelle du pays, d'une région agricole (la Guinée Maritime), de 2 villages aux systèmes de production contrastés, et d'exploitations agricoles de différentes tailles. La dynamique temporelle a été analysée sur la période 1980-2003. Ces analyses se sont appuyées d'une part sur des enquêtes (collectives et individuelles) et suivis d'exploitations agricoles, d'autre part sur la collecte systématique et la caractérisation des variétés locales au moyen de descripteurs allant des noms vernaculaires aux marqueurs moléculaires microsatellites.

Les 4 régions naturelles de la Guinée renferment chacune un grand nombre de variétés, avec des variations notables selon l'importance régionale de la riziculture. La proportion des variétés traditionnelles s'élève à plus 80 %. Le taux moyen d'utilisation de chaque variété est faible, moins 10 %, aussi bien au niveau régional que villageois. La gestion paysanne des ressources génétiques est caractérisée, d'une part, par un grand turnover des variétés et des semences, aux niveaux village et exploitation, d'autre part, par des pratiques culturelles et de production de semences qui favorisent les migrations. Il en résulte une forte diversité génétique intra-variétale et une structure génétique de type multilignées. L'attribution de plusieurs noms à une même entité génétique, souvent rapportée dans la littérature, est rare aussi bien au niveau intra village qu'inter-village.

La structuration de la diversité génétique est caractérisée par la cohabitation de l'espèce africaine du riz *O. glaberrima* avec l'espèce asiatique *O. sativa*, largement dominante, et par la présence, inédite, de recombinants interspécifiques. La différenciation génétique entre les variétés d'un village représente 70 % de la diversité moléculaire régionale. Celle entre écosystèmes (pluvial ou inondé) 23 % et celles liée aux différences entre villages seulement 7 %. La diversité détenue par chaque exploitation n'est pas spécifique mais est importante quantitativement, jusqu'à 50 % de la richesse génotypique totale d'un village.

L'analyse de l'évolution temporelle de la diversité pose de multiples problèmes méthodologiques. Les résultats vont à l'encontre de la vision alarmiste de l'érosion génétique. Globalement, le nombre de variétés et la richesse allélique restent stables ou augmentent légèrement. Les signes d'érosion génétique se limitent à l'écosystème pluvial où, dans certaines régions, la réduction de la durée de jachère conduit à l'abandon de la riziculture. La diffusion des variétés améliorées, notamment NERICA, n'a pas entraîné de perte de variétés traditionnelles, les deux types variétaux sont complémentaires.

Une stratégie de conservation *in situ* de la diversité génétique, à la ferme, compatible avec le développement agricole, est proposée. Un dispositif de suivi permanent de l'évolution de la diversité dans le cadre d'un « observatoire d'évolution *in situ* des ressources génétique » est défini.

## MOTS CLEFS

Riz, variétés traditionnelles, *O. sativa*, *O. glaberrima*, diversité, gestion traditionnelle, conservation à la ferme, érosion génétique, Guinée, Guinée maritime.