

# Les Ressources Génétiques

à l'orée de temps nouveaux

Par la Commission Scientifique du BRG

Juin 2006



# Avant-propos

Lors du 5<sup>e</sup> Colloque national sur les ressources génétiques (Lyon, novembre 2004), plusieurs débats ont abordé les glissements sémantiques intervenus ces dernières années autour du terme de « ressources génétiques » et évoqué les enjeux sous-jacents.

La Commission Scientifique du Bureau des ressources génétiques a alors décidé de poursuivre la réflexion, avec l'objectif initial d'élaborer un « glossaire » autour de l'évolution des concepts. Un atelier associant des intervenants extérieurs a été organisé et des contributions ont commencé à être rassemblées. Il est alors très vite apparu que la dimension prospective de l'exercice devait prendre le pas sur une approche purement descriptive.

Ce document est le produit de ces réflexions et discussions. Un premier texte, « Ressources génétiques : nouvelle alliance avec le hasard ? » présente une synthèse prospective que partage l'ensemble de la Commission Scientifique. Il est complété par des contributions particulières, qui apportent des éclairages dans les domaines des plantes cultivées, des animaux d'élevage, des micro-organismes, des ressources génétiques forestières, des ressources biologiques, et de leur gestion.

Cet ouvrage ne se veut pas le reflet d'une réflexion exhaustive ni complètement aboutie, au contraire : il s'agit ici d'élargir la discussion, dans la perspective des prochains enjeux et chantiers d'une politique française de ressources génétiques.

Le débat est ouvert...



**Etienne VERRIER**

Président de la Commission Scientifique



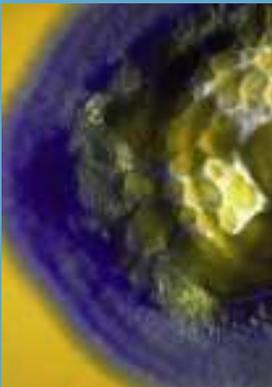
**Dominique PLANCHENAU**

Directeur

## Ressources génétiques :

**E**n ce début de XXI<sup>e</sup> siècle, les « citoyens ordinaires » (que nous sommes) savent que les ressources génétiques sont la fraction de la diversité génétique générale du vivant dont les hommes font usage par la domestication et la sélection. Cet usage est le fruit de réflexions et d'expérimentations fondées sur les avancées permanentes de la connaissance biologique, conduites par les professionnels, en particulier par ceux de l'amélioration des plantes ou des micro-organismes comme par ceux de la sélection animale. Le travail de recherche fondamentale et appliquée (variétés, races, lignées, souches...) est valorisé par les producteurs pour répondre aux nécessités (alimentation, santé, matériaux ou fibres...) et aux ambitions (profits, pouvoirs...) des sociétés actuelles. Les ressources génétiques ont donc un intérêt considérable.

Par conséquent les ressources génétiques ont, comme tout autre bien, une valeur économique que leur attribue le marché et qui se concrétise dans les investissements que leur consacrent les institutions publiques et privées. Elles sont l'objet d'un statut juridique complexe, national et international, qui établit les régimes de leur appropriation ainsi que la reconnaissance des droits de l'innovation (brevet, COV...).



*Ressources génétiques microbiennes  
(voir textes p 26, 28 et 31)*

# nouvelle alliance avec le hasard ?

par **Françoise Fridlansky** et **Jean Claude Monoulou**

Le qualificatif de Ressource Génétique est actuellement attribué à des objets, parties du monde vivant, allant de séquences d'acides nucléiques chimiquement caractérisées à des individus, à des populations, voire à des complexes plurispécifiques d'êtres vivants génétiquement identifiés. La gestion des ressources génétiques fait l'objet d'une Charte nationale qui en a établi les principes directeurs : elle est mise en œuvre par des réseaux reconnus institutionnellement. À première vue donc, à l'issue de trente années, la conception comme la gestion des ressources génétiques paraissent être dans une situation satisfaisante pour la société française.

Les années qui viennent de s'écouler ont aussi apporté leur lot de connaissances nouvelles et approfondies en matière de science du vivant et en particulier d'informations et de structures biologiques. Elles apprennent, aux citoyens ordinaires (que nous sommes), que le vivant teste sans relâche, à notre insu et de façon aléatoire, de nouvelles informations génétiques et de nouvelles configurations biologiques, du niveau moléculaire à celui des écosystèmes, et cela inclut donc l'ensemble des « objets » vivants que les hommes ont domestiqués et sélectionnés, y compris les ressources génétiques animales, végétales ou microbiennes. L'existence d'un objet vivant, comme son « adaptation » à un système naturel ou à un usage de société, sont la conséquence de ce foisonnement permanent de diversité génétique et biologique, et du tri qu'exerce ensuite la sélection,

qu'elle soit naturelle ou pilotée par les hommes. L'échelle de temps de ce processus de renouvellement est d'un ordre différent de celle qui préside à la gestion et à l'usage des ressources génétiques tels qu'ils ont été envisagés au paragraphe précédent. Ces connaissances suggèrent de reprendre la réflexion collective sur les ressources génétiques et de préparer des temps nouveaux.

Au-delà des objets existants actuellement, les connaissances acquises nous indiquent que les véritables ressources du futur sont l'aptitude du vivant à générer cette diversité génétique dans laquelle des tris nouveaux seront faits. Anticiper en la matière demande de ne pas attendre le bon vouloir du hasard mais de s'en faire un partenaire pour élaborer des configurations biologiques inédites (opération certes difficile...). Le domaine des ressources génétiques est à l'orée de temps nouveaux où l'accent sera mis au moins autant sur la maîtrise et l'appropriation des processus que sur celle des objets eux-mêmes. Tous les acteurs en matière de ressources génétiques ne sont pas contraints aujourd'hui de la même façon et toutes les spécificités de situation ont leur légitimité. Il est probable cependant qu'en matière de ressources génétiques, comme dans d'autres domaines, anticiper et investir ouvriront plus de perspectives que de se borner à appliquer la Charte Nationale qui encadre leurs usages, et de laisser ronronner la gestion actuelle...

## D'un présent satisfaisant...

### Les ressources génétiques des années 1950 aux années 2000.

L'idée de ressources génétiques a émergé progressivement au cours du siècle passé de la conjonction des avancées de la connaissance biologique (génétique mendélienne, génétique quantitative, génétique des populations, génétique moléculaire...), du développement corrélatif de techniques et de pratiques (marquages moléculaires et séquençages, informatisation de l'analyse et du stockage d'informations en masse et avec de hauts débits...), des efforts (associatifs et publics) de gestion des « patrimoines » biologiques originaux et de reconnaissance institutionnelle (standards, collections, conservations...) et de la définition toujours plus précise et exigeante des objectifs économiques et sociaux de la sélection végétale, animale et microbienne. Les acteurs du domaine savaient dès le début des années 1970 ce qu'était le concept de Ressources Génétiques et ce qu'ils pouvaient en attendre.

#### ECLAIRAGE

**« La notion de ressources génétiques a été conceptualisée par O. Frankel (1967) dans le cadre de l'accompagnement de la Révolution Verte par la FAO et les Centres Internationaux de Recherche Agronomique (CIRA/GCRAI) créés dans les années 60-70. Tout en favorisant la diffusion de variétés plus performantes dans les pays du sud, la FAO et les CIRA ont reçu le mandat de conserver les cultivars traditionnels locaux considérés comme Patrimoine commun de l'humanité et ressource en libre accès. Cette conception des ressources génétiques a été formalisée dans « l'engagement international sur les ressources phytogénétiques » (FAO, 1983) ». (voir texte A. Charrier, p. 18)**

Ils ont su l'expliquer aux décideurs politiques et les convaincre de l'intérêt qu'auraient, à l'échelle locale, nationale et internationale, des politiques délibérées dans ce domaine. Ces politiques devaient permettre l'identification des ressources existantes, leur conservation, leur enrichissement, leur protection statutaire et commerciale, leur reconnaissance juridique comme celle des droits et des devoirs des obtenteurs, des gestionnaires et des usagers. Elles ont été mises en œuvre aux différents échelons dans le dernier tiers du XX<sup>e</sup> siècle.

Aujourd'hui donc (année 2006) les citoyens ordinaires (qui le veulent bien) ont appris et savent que les ressources génétiques sont la fraction de la diversité génétique générale du vivant dont les hommes font usage par la domestication et la sélection. Dans le domaine animal, éleveurs et sélectionneurs se partagent la responsabilité de l'usage et de son évolution. Pour les micro-organismes « utiles », la tâche est assurée en partie par la recherche publique et surtout par les entreprises concernées.

En matière de plantes, l'usage est conduit de façon prédominante par les agriculteurs dans les pays du Sud, et par les sélectionneurs publics et privés dans les pays du Nord. Il est mis en œuvre par tous les agriculteurs pour répondre aux nécessités (alimentation, santé, constructions...) et aux ambitions (profits, pouvoirs...) des sociétés actuelles. L'intérêt des ressources génétiques est :

- attesté par l'effort de connaissance que leur portent les chercheurs (écologie, génomique, informatique, physiologie...) et le recours pressant aux savoirs traditionnels,
- validé par la valeur économique que leur attribuent le marché et les investissements que leur consacrent les institutions publiques et privées, nationales et internationales (réseaux, contrats, infrastructures de recherche et de gestion, emplois, échanges et paiements...),
- soutenu par des statuts juridiques qui établissent leurs régimes d'appropriation, la reconnaissance des droits de l'innovation (brevets, certificats d'obtention végétale, appellations...) ainsi que celle des compétences des acteurs (diplômes, salaires...),
- promu par des politiques d'éducation et de formation spécialisées,
- défendu à l'occasion d'âpres négociations internationales.

Le qualificatif de Ressource Génétique est actuellement attribué à des objets, parties du monde vivant, allant des séquences d'acides nucléiques chimiquement caractérisées à des individus, à des populations, voire à des complexes plurispécifiques d'êtres vivants génétiquement identifiés. La gestion des ressources génétiques fait l'objet en France d'une Charte Nationale qui en a établi les principes directeurs avant le développement des ressources génomiques : elle est mise en œuvre par des réseaux reconnus institutionnellement, et parfois relayée par des initiatives variées d'origines associatives ou individuelles.

## ECLAIRAGE

*« La culture, l'étude et l'entretien des souches [microbiennes] en culture pure sont susceptibles d'induire une réorganisation du métabolisme et de la physiologie cellulaire que l'on peut sans doute assimiler à une étape de domestication ».*  
(voir texte J.L. Souciet, p. 31)



Ressources génétiques animales  
(voir textes pages 20 à 25)

## Les ressources génétiques en France aujourd'hui.

À première vue, la conception comme la gestion des ressources génétiques en France paraît être dans une situation satisfaisante. Les efforts déployés par les acteurs ont abouti, et le domaine a atteint une certaine maturité sociale. Certes il est bien évident que selon les objectifs et les objets, les ressources génétiques sont considérées, traitées, valorisées et entretenues de façons différentes : nul ne songe à appliquer les mêmes pratiques aux ressources génétiques forestières et aux ressources génétiques en matière de lactobacilles industriels, sans parler bien sûr d'animaux d'élevage, de plantes de grande culture ou de plantes horticoles...

Les réseaux spécifiques sont intellectuellement organisés et implantés. Ils disposent d'infrastructures et de moyens qui autorisent leur autonomie administrative et gestionnaire. Ils ont déjà apporté la preuve de leur compétence en matière de conservation du patrimoine et de sa mise à disposition. Leur coordination et plus généralement la Charte Nationale sont porteuses des bonnes pratiques et d'une veille qui associe la gestion des ressources génétiques au mouvement des connaissances.

Au-delà de ce constat d'efficacité de première proximité, la communauté des acteurs qui est investie dans les ressources génétiques apporte une contribution intellectuelle et matérielle originale à plusieurs débats nationaux.

- Au cours des dix dernières années elle a été directement interpellée (et elle a répondu) dans le débat sur les OGM végétaux à deux niveaux au moins : celui des flux de gènes (pollen) et du maintien de l'identité génétique des variétés et populations de plantes cultivées ou sauvages : celui, proche des interrogations les plus fondamentales sur la nature du vivant et de l'humain, de la perception du rôle des gènes, de celui du milieu (physique et culturel), de légitimité des « manipulations génétiques » et de la part du hasard dans l'élaboration de l'individu et de la personne...
- La même décennie a vu monter dans la société française une prise de conscience de la place considérable que les sociétés humaines s'adjugent sur la planète : cela a



*Ressources génétiques végétales  
(voir texte page 18)*

pour nom « biodiversité », environnement, changements climatiques, mais aussi développement (durable?).

La communauté investie dans les ressources génétiques est évidemment directement concernée par ces interrogations, et son domaine d'action comme les moyens dont elle dispose entrent de plein droit dans ces débats même s'ils ne sont pas les seuls responsables ou les seuls détenteurs de solutions.

- Plus récemment, dans les premières années de ce siècle, de nouvelles questions s'ajoutent aux précédentes, elles émergent de problèmes biologiques prenant des dimensions inattendues : problèmes de prions, problèmes de virus nouveaux (exemple : virus ebola ou virus de la grippe...), problèmes de gestion des élevages d'animaux domestiques (exemple : bien-être animal, pollutions...), problèmes de gestion de populations microbiennes (exemple : les probiotiques), etc.

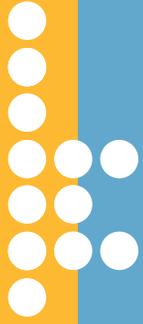
Dans tous ces débats la société s'interroge sur les principes, les voies et les moyens de mobiliser et de gérer les ressources génétiques. Elle s'interroge aussi sur les responsabilités encourues, sur les investissements à faire et l'identité de ceux qui devront en porter la charge.

## Apparitions de ruptures et de questions nouvelles.

La conjonction d'une participation délibérée, positive et reconnue par les « autres », aux débats de société actuels et des avancées les plus récentes de la connaissance biologique remet en cause l'impression d'équilibre et de stabilité évoquée plus haut. Mais aujourd'hui il faut être clair : les ruptures et les questions nouvelles qui apparaissent ne signifient nullement que les concepts, les décisions, les actions et les résultats des années 1970-1990 sont caduques ou erronés. Aux niveaux où ils ont été élaborés et mis en œuvre, ils conservent toute leur pertinence et leur efficacité : la preuve en est que nul dans la société française ne revendique l'abandon de la politique des ressources génétiques et que, au contraire, une poursuite de cette politique est attendue de tous dans le domaine public comme dans l'entreprise privée.

### ECLAIRAGE

*« Le changement climatique, mais aussi les changements de pratique et d'usage ou l'évolution de la demande sociale, interviennent à des échelles de temps qui sont de l'ordre de grandeur d'une génération d'arbre. Ces changements sont donc susceptibles de modifier les perspectives en terme de RG forestières avant même que l'effet des politiques menées dans un contexte antérieur ne puisse être évalué ». (voir texte F. Lefèvre et E. Collin, p. 32)*



## ECLAIRAGE

**« Si l'on accepte la définition de ressources génétiques [...] il ne fait nul doute que les bactéries représentent un gisement extrêmement important sinon inépuisable de ressources génétiques [...] La constitution de banques d'ADN de plantes, d'animaux, de champignons ou de bactéries, sont à considérer comme un nouveau type "hybride" de ressources génétiques [...] L'approche métagénomique a permis de dresser un inventaire parfois exhaustif de la communauté d'un écosystème particulier. Les ressources génétiques microbiennes, jusque-là inexplorées, deviennent exploitables ». (voir texte P. Simonet, p. 28)**

Comme on va le voir, ruptures et questions émergentes mettent l'accent sur des complexités qui n'étaient pas encore prises en compte, sur des préoccupations culturelles et sociales d'ordres différents, sur des échéances et des intérêts qui sont la conséquence de l'explosion démographique de l'espèce humaine et n'avaient jamais été aussi critiques. Plusieurs exemples choisis à des niveaux différents vont illustrer ces questions et ces ruptures.

Premier exemple : avancées de la connaissance biologique. Les quinze dernières années nous ont appris que si le déterminisme génétique et moléculaire direct des fonctions biologiques reste le principe fondamental de l'élaboration d'un être vivant, le rôle des gènes est beaucoup plus nuancé que ce que l'on imaginait il y a vingt ans. Des « informations » autres que celles qui sont portées au premier degré dans l'ADN participent à la construction de l'individu, on les a découvertes au niveau moléculaire et structural (les prions par exemple), aux niveaux « épigénétiques » variés (de la coopérativité entre les gènes et leurs produits jusqu'aux complexités que gèrent la pensée et la culture), aux niveaux « collectifs » des populations et des écosystèmes.

De ces avancées on attend une recomposition des concepts de Ressources Génétiques, des usages et des statuts de ces Ressources !

Deuxième exemple : la société n'avait bien sûr pas attendu qu'une gestion des ressources génétiques soit en place pour mener une politique de ressources biologiques. Depuis de nombreuses décennies les pouvoirs politiques savent que des objets biologiques, originaux mais en nombre limité, soumis à une exploitation intense sont susceptibles de disparaître quand le rythme de celle-ci surpasse celui de leur renouvellement « naturel ». De là étaient nées les politiques de conservation ou préservation de la nature, les politiques de collections *in situ* et *ex situ*, les politiques de parcs et d'aires protégées, les législations de prévention et de protection, etc.

Il est certain que les vingt dernières années et l'impulsion donnée par la Convention sur la Diversité Biologique ont conduit à rassembler les préoccupations sur les ressources biologiques et les ressources génétiques au niveau planétaire. Aussi la Convention traite-t-elle spécifiquement dans ses articles de l'appropriation des ressources génétiques et en

donne une « version » partiellement différente des pratiques qui prévalaient auparavant mais n'ont pas perdu pour cela leur légitimité et leur pertinence... Comment conjuguer ces approches différentes? Comment construire les domaines nouveaux de la réflexion et de l'action? Comment traiter du passé et des responsabilités assumées?

Troisième exemple : la rupture entre la vision qui émerge des deux exemples précédents et place les hommes dans un ensemble d'êtres vivants avec lesquels ils partagent des fonctions biologiques et psychologiques (exemple : le bien-être animal), et la vision prévalente dans de nombreuses cultures, religions et sociétés, qui fait des hommes une espèce à part, « pensante et supérieure ». Les querelles récentes à propos de l'évolution et de l'origine des hommes témoignent de l'actualité de cette rupture, et les acteurs en matière de ressources génétiques sont interrogés : que peuvent-ils dire de l'avenir des grands primates, si proches des humains et si menacés de disparition ?

On pourrait ainsi multiplier les questions et les ruptures envisageables. C'est intéressant certes : mais, parce que nous sommes convaincus qu'empiler des questions est plus une façon d'échapper à ses responsabilités qu'y faire face, nous préférons avancer nos réflexions en trois points : reconsidérer aujourd'hui les enjeux intellectuels de la biologie et de la génétique en particulier, reconsidérer ce que l'on peut attendre aujourd'hui d'une ressource génétique, avancer des propositions d'action et d'évaluation.

## ECLAIRAGE

*« Dans un contexte économique encore fragile et où la France accusait un retard important en matière de sélection animale vis-à-vis d'un grand nombre de pays européens, il était admis que les moyens financiers que l'état consentait à investir devaient l'être au profit d'un nombre limité de races et de programmes, afin d'assurer le maximum d'efficacité du dispositif ». (Quittet, 1963). (voir texte E. Verrier, p. 22)*

*Autour des ressources :  
dialogue et partage*



## ...à des temps nouveaux

### Les enjeux intellectuels en matière de ressources génétiques.

La puissance d'analyse, de compréhension et de maîtrise technique du vivant qu'a apportée la Génétique sous tous ses aspects a laissé s'installer l'impression que les gènes et leur diversité sont une richesse minière acquise et inépuisable pour ceux qui savent les reconnaître, les entretenir et les travailler. Nous savons cependant qu'il ne s'agit là que d'une idée fautive et caricaturale du vivant : les gènes ont un rôle-clé fondamental mais ils ne sont pas tout. Le temps est donc venu de reprendre la réflexion sur les ressources génétiques à la lumière des avancées récentes de la biologie comme nous en avons traité plus haut (ceci constituera le court terme où la génomique, la biologie du développement et celle de la reproduction, les sciences de l'évolution, de l'information et de la modélisation auront la parole principale). En même temps, pour ne pas tomber dans le piège d'avoir systématiquement un « train de retard », le temps est venu de réaliser un véritable effort d'imagination sur ce que pourront être les énigmes de la biologie de demain. La question fondamentale est la suivante : comment répondre aux besoins et aux désirs divers d'une espèce humaine à la démographie envahissante, exploitant et bousculant les autres êtres vivants, sans tomber dans une standardisation totalitaire de tout le vivant ? De telles préoccupations sous-tendent les débats sur les OGM et les manipulations génétiques.

Dans le contexte historique et intellectuel que nous évoquons plus haut, les solutions ne sont pas aisées à concevoir... Mais tout espoir n'est pas perdu pour autant si nous faisons l'effort de reprendre la réflexion scientifique et nous y serons aidés par nous-mêmes. Cette aide s'exprime déjà en matière de santé : dans ce domaine aussi les avancées de la biologie et de la génomique ont permis des progrès fulgurants. Certains seraient même prêts à imaginer des explications moléculaires simples de la pensée... Génétique et neurobiologie moléculaire nous ouvrent des fenêtres totalement nouvelles, mais la psychiatrie nous explique qu'il ne s'agit là que des caricatures de la complexité considérée. Au contraire, la lutte contre le totalitarisme biopolitique passe par la reconnaissance du

#### ECLAIRAGE

*« Le programme Génoplante [...] a permis de développer des thématiques d'intérêt général comme la mise en place de nouveaux outils d'analyse, la bio-informatique, l'analyse de génomes de plantes modèles, riz et Arabidopsis thaliana. [II] a généré de nombreuses ressources biologiques, vivantes ou génétiques et moléculaires ». (voir texte G. Pelletier, p. 36)*

sujet humain et de sa valeur comme « cas unique ». Certes il n'est pas nécessaire de traiter des ressources génétiques microbiennes ou végétales comme des génomes et des personnalités de tous les humains, mais les uns et les autres s'inscrivent dans le même triangle biologique : gènes-développement-reproduction, triangle perpétuellement remanié par l'évolution. La réflexion sur ce triangle, éclairée par les connaissances les plus récentes, amène à dire que le vivant n'est vivant que parce qu'il se remet en permanence en question. **Le vivant n'est vivant que parce que le hasard génère et teste en permanence en son sein et à notre insu des configurations biologiques et des informations génétiques nouvelles.** La sélection, « naturelle » ou conduite par l'usage que décident les hommes, fait ensuite le reste et en particulier l'adaptation aux changements et aux nécessités.

Dans cette perspective, on peut espérer développer des réponses aux questions fondamentales posées plus haut ; on peut espérer conserver au sujet humain sa valeur de « cas unique » ; on peut espérer conduire de nouvelles politiques de ressources génétiques animales, végétales et microbiennes : cela passe par un **effort intellectuel majeur qui fasse que le hasard ne soit pas systématiquement un adversaire mais parfois un partenaire...** C'est un bouleversement : les ressources génétiques ne sont plus des ressources minières !

## **Qu'attend-on des ressources génétiques pour demain ?**

Le panorama des attentes et des nécessités est aisé à tracer à grands traits : accommoder la pression démographique des hommes, les sortir de la malnutrition et de la maladie, les sortir de la pauvreté et leur apporter des niveaux de vie dignes, répondre à leurs attentes culturelles diversifiées. Tout cela n'est aujourd'hui qu'utopie parce que les produits des activités actuelles des hommes ne suffisent pas à les nourrir, les soigner, ou alléger leur misère, et parce que de plus les pratiques actuelles consomment des ressources finies (minéraux, carburants fossiles, terres arables...), en polluent d'autres (eaux, atmosphère, espaces habitables...) et menacent d'extinction par un rythme exagéré d'usage des ressources susceptibles de se renouveler (diversité

### **ECLAIRAGE**

*« Une des spécificités des micro-organismes eucaryotiques est l'utilisation possible de la recombinaison sexuée et de la ploïdie. Les possibilités de réassortiment géniques offertes sont alors considérables et si on y associe l'effet de très nombreux éléments mobiles, les créations de nouveautés et d'associations sont encore plus importantes.[...] Ces éléments mobiles doivent être considérés [...] comme les moteurs qui concourent à la formation, à la vie et à la mort des gènes ».*  
(voir texte J.L. Souciet, p.31)



Plantules d' *Arabidopsis thaliana*

## ECLAIRAGE

**« Les acteurs économiques de l'utilisation des ressources génétiques ne sont pas les seuls dont l'intervention dans les prises de décision en matière de choix et modalités de conservation de la diversité génétique doivent désormais être pris en compte. De façon croissante, une revendication, issue de l'information, s'exprime pour que les choix dans les domaines du vivant ne se fassent plus sur les seules bases des besoins économiques sectoriels et des connaissances scientifiques. Les politiques et institutions de gestion des ressources génétiques vont donc devoir s'interroger sur l'ouverture de la décision vers le consommateur – citoyen ». (voir texte A. Sontot – D. Planchenault, p. 38)**

biologique, diversité linguistique et culturelle...). Les ressources génétiques ne sont pas, loin de là, l'unique réponse à toutes ces attentes : mais nous savons qu'une politique délibérée en ce domaine peut contribuer de façon significative à l'élaboration des réponses : la révolution verte de la seconde moitié du XX<sup>e</sup> siècle a ainsi évité une catastrophe généralisée à l'humanité. De cet effort nous continuons à profiter à travers les Centres Internationaux de Recherche Agronomique, les réseaux nationaux, les collections publiques et privées, les banques de gènes, la Charte Nationale, les programmes de recherche en matière de génomique et de biologie du développement et de la reproduction, les programmes de soutien à l'innovation biotechnologique, etc.

Les deux questions que nous nous posons sont :

A - Que pouvons nous faire en génétique avec les politiques, les structures, les connaissances et les moyens actuels ? Quels objectifs et quelles dimensions donner en génétique à une politique nouvelle qui ambitionnerait de faire plus par rapport aux attentes évoquées ci-dessus ?

Pour tenter de répondre, nous allons reprendre les constats et les attentes du paragraphe précédent pour formuler les problèmes émergents et expliciter la contribution envisageable de ressources génétiques.

Problèmes émergents : le plafonnement des rendements potentiels, la gestion économe et le partage de l'eau, la consommation économe des intrants d'origine industrielle, la diversification agricole, la qualité des produits, la segmentation des marchés et la compétition nationale et internationale, l'exode rural et la formation de ceux qui restent, l'organisation des producteurs et la revalorisation des professions agricoles, etc.

B - Où attend-on la contribution éventuelle de la génétique et des ressources génétiques dans le futur face à ces problèmes émergents ? La réponse est déjà donnée par les institutions nationales et internationales de recherche agronomique : une politique ambitieuse de ressources génétiques est susceptible d'apporter certaines solutions aux cinq premiers problèmes émergents de la liste ci-dessus. Par rapport aux politiques existantes, elle se caractérise non par un mais par trois niveaux d'action :

- le premier niveau perpétue les dynamiques actuelles (conservation et caractérisation des ressources génétiques existantes),
- le deuxième niveau fait appel à l'ingénierie écologique pour gérer ces ressources dans leurs territoires et prendre en charge celles qui nous échappent actuellement,
- le troisième niveau, le plus important peut-être, est prospectif. Il s'agit d'imaginer et de créer des ressources génétiques nouvelles, celles qui sont nécessaires pour un problème non résolu ou émergent, et qui ne sont pas disponibles dans les banques, réserves, collections et autres systèmes de conservation...

Si nos sociétés s'orientaient vers ces politiques nouvelles, comment pourrait-on s'y prendre ?

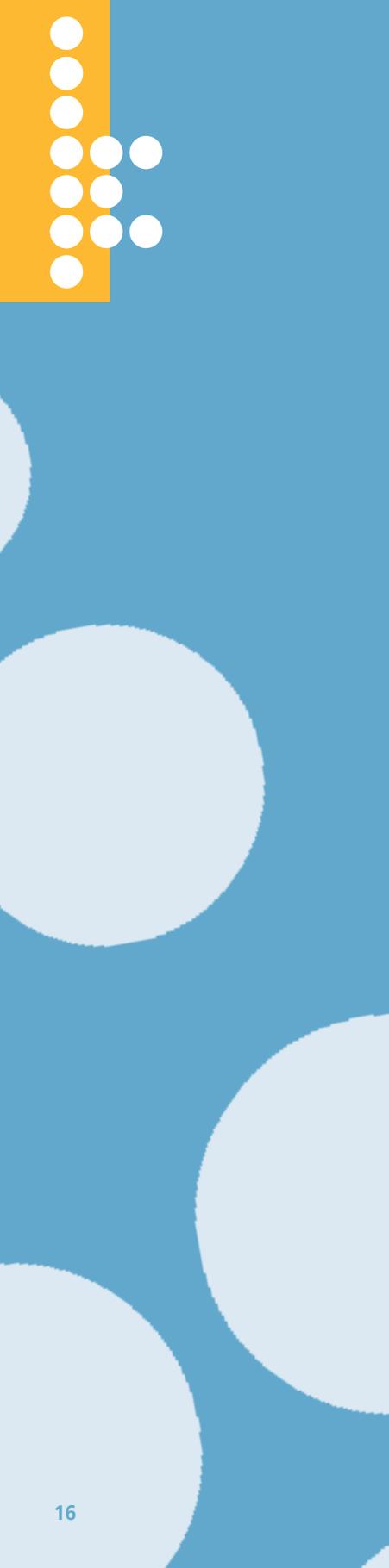
## Aborder des temps nouveaux.

L'évolution probable de la démographie humaine ainsi que les succès, les échecs, les questions et les ruptures en matière de ressources génétiques nous amènent à proposer une politique nouvelle qui, sans rompre bien sûr avec les idéaux et les principes établis de la conservation de la biodiversité et des ressources biologiques, demande un effort d'imagination et de création par les hommes de diversités génétiques nouvelles dans les espèces « d'usage ». Comment pourrait-on procéder ? Comment concilier avec clairvoyance les censures immédiates des éthiques ordinaires et les responsabilités collectives à assumer vis-à-vis des générations futures ? Comment anticiper et faire parfois du hasard un partenaire ?

Nous disions plus haut qu'au fil des millions et des millions d'années d'évolution, le vivant n'est vivant que parce qu'il est la résultante de processus aptes à générer en permanence et de façon aléatoire de la diversité (génétique en particulier). Le vivant est ainsi une ressource renouvelable tout à fait unique et nous retrouvons là l'animal, la plante, le micro-organisme comme le « cas unique » de l'humain : à nous donc de faire alliance avec le hasard des processus biologiques. Cette façon ouvre des perspectives largement inexplorées, mais nous savons déjà grâce aux avancées des sciences biologiques que cette spéculation n'est pas gratuite. Nous

## ECLAIRAGE

*« On connaît à présent l'intérêt des ressources génétiques microbiennes dans leur complexité naturelle, même non caractérisée (consortium extrait de l'environnement par exemple). [...] Lorsque l'on aborde la question de l'exploration ou de la conservation des ressources génétiques microbiennes par le biais de la création de banques de plasmides ou de clones, on peut se questionner sur le sens que revêt l'approche de ces ressources génétiques, coupées de leur environnement cellulaire [qui] permet d'instaurer les interactions biologiques complexes [...] parfois déterminantes pour la connaissance de l'usage possible de la ressource génétique ». (voir texte V. Degrange, p. 26)*



l'avons déjà mise à l'épreuve et appréciée dans diverses situations : celle des défenses immunitaires de l'individu, de la fabrication des anticorps et du développement des vaccinations ; celle des mutations qui affectent les génomes et des processus de réparation et de recombinaison dits fautifs ou partiellement fidèles ; celle des mécanismes de transpositions et d'évolutions concertées dans les génomes ; celle des intégrations de génomes viraux dans ceux de leurs hôtes et leurs séparations, etc. En bref, la possibilité de faire alliance avec le hasard des processus biologiques n'est pas une utopie... Mais, puisque nous n'avons pas tout exploré, un effort considérable reste à conduire, à conduire à la fois sur le plan fondamental de la connaissance comme sur celui de la sélection à exercer pour atteindre les objectifs envisagés, sur celui du développement de technologies innovantes, sur celui de l'évaluation à chaque niveau de l'efficacité du changement envisagé et pratiqué, sur celui de la valorisation et de l'appropriation des processus et des objets nouveaux.

En conclusion les véritables ressources génétiques du futur sont l'aptitude du vivant à générer cette diversité génétique dans laquelle des tris nouveaux et « humains » seront faits. Anticiper et investir permettra d'élaborer des configurations biologiques inédites et ouvrira plus de perspectives que laisser ronronner la Charte Nationale et la gestion actuelle, même si les innovations et changements amènent avec eux un cortège de risques et de difficultés nouvelles qu'il faudra aussi assumer. Nous préférons des lendemains différents et risqués à la perpétuation d'un présent certainement condamné.



- Evolution historique de la notion de ressources génétiques dans le domaine végétal** p.18  
André CHARRIER
- Evolution du concept des ressources génétiques animales** p.20  
Michèle TIXIER-BOICHARD
- Gestion et conservation des ressources génétiques animales** p.22  
Etienne VERRIER
- Points de discussions dans le domaine microbien** p.26  
Valérie DEGRANGE
- Les ressources génétiques chez les micro-organismes** p.28  
Pascal SIMONET
- Identifier les ressources génétiques chez les micro-organismes** p.31  
Jean-Luc SOUCIET
- Ressources génétiques forestières : évolution de nos conceptions** p.32  
François LEFEVRE, Eric COLLIN
- Programme Génoplante et ressources biologiques** p.36  
Georges PELLETIER
- Gestion des ressources génétiques : la France sur la bonne voie ?** p.38  
Andrée SONTOT, Dominique PLANCHENAU

Parmi les ressources naturelles, la biodiversité est la dernière catégorie mise en débat vis-à-vis de sa conservation, de son renouvellement et de son utilisation dans le cadre du développement durable de la planète Terre.

## Germplasm

Le 1<sup>er</sup> terme employé par les Anglo-Saxons pour désigner ces ressources a été « Germplasm » (Weissmann, 1983) traduit par l'anglicisme « germoplasme » (Sasson, 1986). Il correspond au concept de lignée germinale (germen) par opposition à la lignée somatique (soma) ayant cours dans la 2<sup>e</sup> moitié du XIX<sup>e</sup> siècle, et au début du XX<sup>e</sup> siècle, à l'aube de la génétique mendélienne.

De façon concomitante, les naturalistes ont recherché l'origine des plantes cultivées et leurs parents sauvages. En France, on doit à de Candolle des publications fondatrices sur la « géographie botanique raisonnée » (1855) et sur « l'origine des plantes cultivées » (1883). Les ouvrages de référence sur les centres d'origine ont été commis par le russe NI Vavilov (1926) et par l'américain JR Harlan (1975).

## Ressources génétiques

La notion de ressources génétiques a été conceptualisée par O. Frankel (1967) dans le cadre de l'accompagnement de la Révolution Verte par la FAO et les Centres Internationaux de Recherche Agronomique (CIRA/GCRAI) créés dans les années 60-70. Tout en favorisant la diffusion de variétés plus performantes dans les pays du sud, la FAO et les CIRA ont reçu le mandat de conserver les cultivars traditionnels locaux considérés comme Patrimoine commun de l'humanité et ressource en libre accès. Cette conception des ressources génétiques a été formalisée dans « l'engagement international sur les ressources phytogénétiques » (FAO, 1983).

Les catégories de ressources génétiques retenues dans cet engagement sont, selon la terminologie de l'époque :

- « les espèces sauvages et adventices apparentées,
- les cultivars locaux primitifs,
- les variétés obsolètes,
- les variétés cultivées actuelles,
- les souches génétiques spéciales. »

Du point de vue biologique, ces catégories de ressources génétiques sont en accord avec la notion d'espèce biologique et la possibilité d'échanges de gènes par voie sexuée. Elles ont été précisées et formalisées sous la forme des pools géniques (Harlan et de Wet, 1971) et des complexes d'espèces (Pernès, 1984).

Pour en favoriser l'adoption, une interprétation concertée de l'engagement a été fondée sur la reconnaissance mutuelle du droit des obtenteurs de variétés protégées par COV et du droit des paysans. Ces actions en faveur des ressources génétiques d'intérêt agricole et alimentaire ont été accompagnées par la création d'organisations spécialisées pour les ressources génétiques comme l'IBPGR (1974) au niveau international ou le BRG (1983) en France.

## Biodiversité

Après 20 ans de débats autour des ressources phytogénétiques, le concept de biodiversité (Wilson, 1986) fait son entrée en scène et déplace le débat vers la protection des milieux naturels et des espèces qu'ils hébergent. Le terme de biodiversité, contraction de diversité biologique, concerne l'ensemble des organismes vivants de la planète. Il recouvre des approches et des problématiques différentes (Levêque et Mounolou, 2001 ; Chauvet et Olivier, 1993) :

- les stratégies de conservation du patrimoine naturel pour les générations futures,
- les mécanismes de diversification et d'évolution des espèces en interaction avec les changements de l'environnement,
- les interactions dynamiques entre les différents niveaux et compartiments du vivant (écologie fonctionnelle ; biocomplexité),
- la nature « utile » et sa valorisation.

L'impact de la biodiversité comme cadre de réflexion des rapports Homme-Nature a atteint son apogée à la conférence de la CNUCED (Rio, 1992) sur le développement durable et a débouché sur la « Convention sur la Diversité Biologique » (CDB) ratifiée en 1993. Celle-ci reconnaît la souveraineté des états et le droit de propriété sur leur biodiversité.

Dans la CDB, les ressources génétiques sont définies comme suit : « matériel génétique d'origine végétale,

animale ou microbienne contenant des unités fonctionnelles de l'hérédité et ayant une valeur effective ou potentielle ».

La CDB prend en considération toutes les formes de la biodiversité : ressources génétiques, espèces et écosystèmes. Elle privilégie la conservation *in situ* soit dans les habitats naturels et les zones protégées, soit par la gestion durable des ressources et milieux avec les pratiques traditionnelles. Quant à la conservation *ex situ* des éléments constitutifs de la diversité biologique, elle sera réalisée de préférence dans les pays d'origine (CDB article 9).

L'accès à ces ressources repose sur les législations nationales en matière d'accès et d'utilisation : accord contractuel de partage juste et équitable des bénéfices et du savoir technologique ; protection des savoirs traditionnels.

L'Institut Français de la Biodiversité (IFB) a été créé en 2000 pour animer et favoriser les activités de recherche et de gestion de la biodiversité en France.

La situation des ressources génétiques concernées par l'Engagement international de la FAO est remise en cause par la CDB, entre alignement sur cette convention internationale et spécificité agricole et alimentaire mondiale. Un Traité international pour cette catégorie de ressources génétiques a été négocié (FAO, 2001) avec un système multilatéral pour gérer par des règles communes une liste restreinte de plantes cultivées indispensables à l'alimentation, conservées par les CIRA.

Cette période est marquée depuis les années 80 par l'avènement de la génomique et par le développement des biotechnologies végétales :

- les progrès en biologie moléculaire et cellulaire ont conduit au génie génétique permettant de modifier le matériel génétique des variétés végétales actuelles par transfert de gènes isolés de toutes les espèces vivantes (franchissement des barrières d'espèces ; 1<sup>re</sup> plante transgénique en 1983)
- le séquençage et l'analyse des génomes qui conduisent à l'inventaire des gènes d'un organisme, à leurs fonctions et leurs interactions.

### Ressources biologiques

De fait, les ressources génétiques changent de nature

et le concept de ressources biologiques émerge. Promu par l'OCDE (1998), sa mise en œuvre a été portée en France par le Ministère de la recherche et relayée dans les secteurs de la médecine et du BRG.

Les ressources biologiques sont constituées des catégories suivantes :

- les collections d'organismes cultivables (cellules microbiennes, végétales, animales et humaines),
- les éléments répliquables de ces organismes (fragments de tissus, acides nucléiques...),
- les organismes, cellules et tissus viables mais non encore répliquables
- les bases de données contenant les informations moléculaires, physiologiques et structurales relatives à ces collections.

La nouveauté réside dans la nature de l'offre faite aux utilisateurs par les Centres de Ressources Biologiques (CRB) comme :

- les banques de gènes insérés dans des vecteurs bactériens (BAC) ou levure (YAC),
- les bases de données moléculaires (EST, cDNA, séquences...),
- les collections de mutants...

Une nouvelle discipline, la bio-informatique assure le stockage et la valorisation des informations utiles aux biologistes.

La valorisation des ressources biologiques se pose en terme d'opposition entre l'accès libre aux ressources et l'appropriation par le brevet pour protéger les produits du génie génétique et des biotechnologies. Les accords de l'OMC (1993) sur la Propriété Intellectuelle (PI) concernent la protection des variétés végétales (brevet ou COV), ainsi que la directive européenne 98/44 sur les inventions biotechnologiques. Les droits de PI en Europe reposent sur les règles suivantes :

- pas de brevet sur les races animales et les variétés végétales
- brevet possible sur les micro-organismes
- protection des variétés par UPOV
- brevet sur les séquences et les gènes de fonction connue
- protection étendue aux produits incorporant le gène protégé.

Une classification des populations animales en tant que ressources génétiques a été proposée en 1982 par J.J. Lauvergne. C'est cette classification qui est reprise ici et enrichie de la contribution de l'ouvrage d'A. Audiot « Races d'hier pour l'élevage de demain » (tableau de synthèse, p. 26). Le principe est de décrire les différents types de populations issues de la domestication d'une espèce sauvage. La distinction entre ces différents types fait appel à des notions de génétique des populations, de génétique quantitative, et aussi d'histoire et de sociologie. Cette proposition de classification n'est ni unique ni sans doute exhaustive mais fournit une bonne base de discussion.

## Population traditionnelle

- importante variabilité morphologique,
- système d'élevage encore très dépendant du milieu,
- effectif génétique important,
- généalogies le plus souvent indéterminées,
- phénomènes de migration, sélection naturelle,
- pas d'objectif de sélection collectif,
- communauté d'éleveurs.

## Race standardisée

- accord d'un groupe d'éleveurs sur l'aspect morphologique souhaité, ce qui suppose l'organisation du groupe d'éleveurs en association raciale, ou en club, avec cadre législatif pour certaines espèces, mais pas toutes,
- effets fondateurs potentiellement importants, migrations limitées par le respect du « standard » morphologique, dérive génétique potentiellement importante,
- sélection des reproducteurs sur les caractères morphologiques souhaités, encore beaucoup d'importance du « dire de l'expert », caractères souvent contrôlés par des gènes à effets majeurs (morphologie, couleur...),
- prise en compte des généalogies,
- effectif génétique variable selon les cas,
- association entre un type morphologique et une culture locale, et parfois aussi un système d'élevage, mais pas toujours.

## Lignée sélectionnée

- accord d'un groupe d'éleveurs sur des critères de production souhaités pour la lignée : définition d'un objectif de sélection, accepté par les éleveurs avec ses contraintes, cadre législatif pour certaines espèces, mais pas toutes,
- population de base réduite le plus souvent à une race mais pouvant être constituée d'un « mélange » de races,
- généalogies indispensables,
- application des méthodes de la génétique quantitative pour un choix « rationnel » des reproducteurs,
- perte de l'ancrage « culturel », entrée en force des paramètres techniques et économiques dans la gestion de la population, modèle expérimental parfois,
- propriété privée pour les lignées de plus en plus spécialisées,
- système de production intensif en général,
- effectif génétique diminue et consanguinité augmente quand l'intensité de sélection augmente, à moyen ou long terme apparition de problèmes de gestion de la variabilité génétique, mais migrations possibles entre lignées sélectionnées sur un même objectif dans différents pays, ou par différents propriétaires.

## Lignée consanguine, éventuellement lignée transgénique

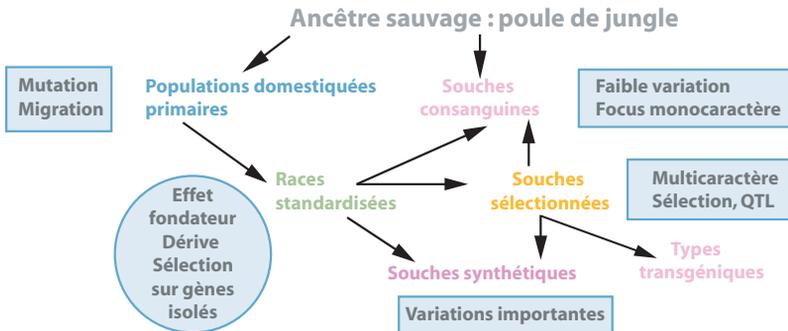
- niveau ultime de « différenciation » d'une population, perte de variabilité pour la fixation d'une caractéristique ou d'un ensemble de caractéristiques,
- essentiellement contexte expérimental, mais peut représenter l'asymptote de variabilité minimale vers laquelle va tendre une lignée intensément sélectionnée,
- utilisées en sélection dans le passé (sélection avicole : sélection de lignées consanguines suivie de croisements, méthode abandonnée),
- exploitation commerciale possible, par exemple dans le domaine biomédical.

On voit donc que le concept de ressources génétiques animales fait appel à une combinaison de facteurs, qui relèvent de la génétique, de la sociologie, de l'économie et s'interprète toujours en termes d'usages de la ressource. L'échelle considérée est celle de la population d'animaux associée à une population d'éleveurs ou d'utilisateurs. Il faut tenir compte de ce contexte plurifactoriel pour évaluer et gérer les RGA. L'apport des outils moléculaires est de pouvoir tracer ou retrouver, au niveau du génome, l'impact des pratiques de sélection et de gestion, de pouvoir associer un élément du génome à une des caractéristiques de la ressource génétique.

Une population pourrait être vue caricaturalement comme un « sac de gènes ». Il y a cependant des interactions entre gènes, des interactions génotype x environnement, des « gènes » indésirables non détectés (cf. la résurgence d'anomalies dans les populations très sélectionnées dont l'effectif de reproducteurs diminue dangereusement), etc. : il s'agit en fait d'une entité dynamique.

Le schéma ci-dessous (congrès avicole, août 2005) illustre les liens entre les différents types de population dans le cas du poulet, une des rares espèces d'élevage terrestres, avec le porc, à avoir encore son ancêtre sauvage accessible.

## Domestication et sélection du poulet



**COMBINER DES DONNÉES HISTORIQUES, ZOOTECHNIQUES ET MOLÉCULAIRES**

On distingue généralement trois voies d'approche de la gestion et de la conservation des ressources génétiques Animales (RGA), selon les conditions dans lesquelles se trouvent les animaux ou les « matériels » conservés :

- *In situ* – Les animaux sont dans leur contexte habituel d'élevage. Ils sont détenus par des éleveurs qui développent avec ces animaux une activité économique ou de loisir,
- *In vivo, ex situ* – Les animaux sont maintenus hors de leur contexte habituel d'élevage : troupeau conservatoire géré par une association, une collectivité, un parc zoologique, etc,
- *In vitro* – Les animaux ne sont pas maintenus en vie et « en entier ». Certains matériels biologiques (semence, ovocytes, embryons, cellules somatiques, ADN, etc.) sont prélevés à une époque donnée sur des animaux vivants et conservés congelés, en général dans l'azote liquide à  $-196^{\circ}\text{C}$  : c'est le principe des cryobanques.

On propose un panorama, non exhaustif, de la mise en œuvre de ces différentes voies d'approche au sein des espèces d'élevage. On développe la situation française, en dressant notamment un historique récent, et on donne également un éclairage sur la situation en Europe et dans d'autres pays développés ainsi que dans les pays en développement.

### De l'organisation de la sélection à la sauvegarde des races menacées

Au lendemain de la seconde guerre mondiale, l'élevage a connu une phase de modernisation, d'intensification et de spécialisation. En France, ce mouvement a touché le secteur de la sélection animale, avec un point d'orgue représenté par le vote en 1966 de la loi dite « sur l'élevage » et par sa mise en œuvre effective dans les années suivantes. Dans un contexte économique encore fragile et où la France accusait un retard important en matière de sélection animale vis-à-vis d'un grand nombre de pays européens, il était admis que les moyens financiers que l'état

consentait à investir devaient l'être au profit d'un nombre limité de races et de programmes, afin d'assurer le maximum d'efficacité du dispositif (Quittet, 1963).

Dans ce contexte, pour une espèce donnée, quelques races capables de hautes performances dans des conditions de milieu bien maîtrisées se sont imposées. En revanche, de nombreuses races ont vu leurs effectifs décroître et leur aire d'extension se restreindre progressivement à leur « berceau » ou à des zones difficiles où elles présentaient des traits d'adaptation au milieu favorisant leur maintien. La prise de conscience d'un risque de disparition de certaines races et la nécessité de s'organiser pour éviter cette issue ont été exprimées collectivement pour la première fois au sein de la Société d'Ethnozootechnie, en 1975.

Le premier programme de conservation d'une race animale domestique en France (race ovine Solognote) fut mis en place en 1969 à la demande des éleveurs eux-mêmes. Des programmes systématiques de conservation des races menacées ont démarré en 1977 pour les bovins et en 1980 pour les porcs, sous la houlette des instituts techniques correspondants. Dans tous les cas, l'objectif était de conserver l'ensemble des populations menacées, chacune d'entre elles étant supposée receler des caractéristiques originales et contribuer à la variabilité génétique de l'espèce. Un soutien public à ces actions de conservation a été inscrit dans le cadre de la loi sur l'élevage à partir de 1977. Parallèlement, quelques régions ont apporté un soutien logistique et/ou financier aux actions de conservation.

Les différents programmes mis en place dans les années 1970-80 ont été très majoritairement, sinon exclusivement, des programmes *in situ*. Dans tous les cas, le recrutement et la gestion des mâles reproducteurs se sont révélés critiques pour la viabilité des programmes. Chez les bovins, l'insémination artificielle, conduite dans le cadre de l'activité routinière des coopératives d'insémination, a constitué une aide réelle au maintien des populations comme à celle des éleveurs. Dans d'autres espèces où la monte naturelle est demeurée prépondérante, comme chez les ovins, des centres d'élevage de jeunes mâles ou des

troupeaux pépinières se sont mis en place. Dans tous les cas, ces dispositions ne peuvent être considérées comme une orientation *in vitro* ou *ex situ* mais simplement comme une aide au fonctionnement de programmes *in situ*.

En Europe, des programmes de conservation se sont mis en place, généralement à la même époque. Soulignons l'action du Rare Breed Survival Trust au Royaume Uni, organisme « caritatif » bénéficiant de généreux sponsors. Les programmes coordonnés par cet organisme sont généralement eux aussi de type *in situ*, des dispositifs *in vivo ex situ* (fermes conservatoires, fermes pédagogiques, ...) venant souvent en appui. Depuis le milieu des années 1990, l'Union européenne subventionne les éleveurs conservant des femelles reproductrices de races menacées et impliqués dans les programmes de sauvegarde, et ce pour les espèces de ruminants et d'équidés domestiques ainsi que le porc.

### De la sauvegarde des races menacées à la gestion des ressources génétiques

Les programmes de conservation des races menacées ont concerné de façon prioritaire les aspects démographique (assurer le renouvellement des populations) et génétique (limiter l'accroissement de la consanguinité au sein de populations d'effectifs limités). Des préoccupations liées à la valorisation des races concernées ont progressivement vu le jour (Audiot *et al.*, 1993).

De façon parallèle à ce mouvement en faveur des races menacées, la communauté scientifique s'est préoccupée du devenir de la variabilité génétique au sein des populations sélectionnées (Verrier *et al.*, 1989). Des bilans rétrospectifs ont permis de montrer que les « grandes » races, soumises à d'intenses pressions de sélection et dont l'avenir repose sur une élite réduite d'animaux, sont, d'un point de vue génétique, de petites populations (par exemple, Moureaux *et al.*, 2000). Des actions ont été conduites pour, d'une part, fournir aux gestionnaires les informations nécessaires à la prise en compte de ces questions et, d'autre part,

proposer des méthodes de gestion alternatives (Rochambeau *et al.*, 2003 ; Colleau *et al.*, 2004).

Progressivement s'est imposée l'idée, somme toute naturelle, que les ressources génétiques sont constituées de toutes les populations d'une espèce donnée et de la variabilité génétique propre à chacune de ces populations. En matière de gestion, on peut schématiser la situation des différents types de populations en fonction de leur statut et des objectifs que l'on se fixe :

- les races menacées, pour lesquelles des mesures conservatoires sont nécessaires. L'objectif majeur est d'éviter la disparition pure et simple de ces populations, les méthodes de gestion s'efforçant de limiter l'élévation de la consanguinité,
- les races locales, dont l'avenir n'est pas immédiatement menacé mais qui doivent leur statut à un manque de compétitivité dans les situations favorables à l'intensification. L'objectif est que ces populations ne « tombent » pas dans la catégorie précédente, le meilleur moyen étant alors de trouver à chacune de ces races une niche « écologique » (exploitation d'un milieu présentant des contraintes particulières) et/ou « économique » (filières courtes, produits bénéficiant d'une indication d'origine ou de qualité, etc.),
- les races exploitées et sélectionnées à une échelle nationale ou internationale. L'objectif majeur est de combiner progrès génétique et maintien de la variabilité intra-population.

Une telle description, par nature schématique, correspond bien à la situation des bovins laitiers en France (Verrier *et al.*, 2001). Parfois la situation est encore plus simple, la catégorie des races locales non menacées étant très peu représentée : c'est le cas des volailles, du porc et des caprins. Dans le cas des ovins, en revanche, il y a un plus grand *continuum* entre les différentes situations.

(...)

## La place de la cryopréservation

La cryoconservation est envisagée comme moyen de conservation des ressources génétiques des espèces d'élevage à partir de la fin des années 1980, alors qu'elle était déjà mise en œuvre pour des lignées expérimentales de souris. En dehors de quelques actions ponctuelles, les cryobanques animales se sont surtout développées à une échelle nationale (France, USA, Pays-Bas) ou internationale (pays Nordiques).

La cryobanque nationale française a été créée en 1999 sous forme d'un Groupement d'Intérêt Scientifique, financé par le Ministère de l'Agriculture, dans le cadre de la loi sur l'élevage. La cryobanque ne vise pas à se substituer aux programmes *in situ* mais est conçue comme un moyen d'appui à ces derniers, d'une part, et une garantie à long terme face aux aléas que peuvent rencontrer les populations vivantes, d'autre part. L'ensemble des ressources génétiques disponibles est effectivement considéré puisque trois types de « matériel », au sens de combinaison de populations et de types animaux, ont leur place dans la cryobanque :

- Type I : animaux issus de races menacées, présentant entre eux un maximum de diversité.
- Type II : animaux issus de races non menacées, présentant à l'intérieur de leur population des caractéristiques génétiques originales ou extrêmes.
- Type III : animaux issus de races non menacées, représentatifs de la race au moment de la collecte.

Les critères de représentativité ou d'originalité sont précisés et les protocoles de collecte (rythme, nombre d'animaux, nombre de doses de semences, etc.) sont définis en fonction de l'usage futur qui est envisagé du matériel conservé (Verrier *et al.*, 2003).

## Quelques éléments concernant les pays en développement

La conservation des ressources génétiques animales ne peut représenter une priorité que si elle est liée à la lutte contre la pauvreté.

La tendance d'un certain nombre d'experts internationaux semble être de promouvoir la conservation *in situ* autant que possible mais de ne pas trop s'illusionner sur les chances de réussite, dans des pays où la gestion des populations animales ne fait habituellement pas l'objet d'une organisation spécifique (collectif, 2005). La cryoconservation paraît en revanche plus sûre dans ces conditions et représente une garantie face à des menaces, d'ordre sanitaire par exemple. Ce mode de conservation est également plus « parlant » et plus convaincant auprès des organismes internationaux potentiellement financeurs.

Les pays émergents (ex. Chine, pays du Sud-Est asiatique...) connaissent un accroissement rapide de la demande en produits animaux. Pour y répondre, la tentation est grande d'importer les races productives sélectionnées dans les pays industrialisés. Dans des milieux généralement contraignants, le choix d'une combinaison optimale, via des plans de croisement, des types génétiques locaux et importés, demanderait une phase d'évaluation expérimentale dont les délais semblent malheureusement incompatibles avec l'urgence de la demande.

En conclusion, la gestion des ressources génétiques animales s'appuie très majoritairement sur des programmes *in situ*, c'est-à-dire impliquant l'entretien de populations d'animaux vivants répartis chez des éleveurs dont l'élevage est une activité professionnelle, voire de loisirs. C'est en tout cas la réalité des pays européens, où l'organisation de la conservation s'appuie très largement sur des dispositifs de sélection très structurés pré-existants et sur l'organisation sociale correspondante. Dans ce type de situation, la cryoconservation n'est généralement considérée que comme un moyen complémentaire et/ou comme une assurance « ultime ». Elle peut également être envisagée pour pallier un éventuel déficit d'organisation.

## Références

- Audiot A., Bougler J., Verrier E. (1993) « Peut-il y avoir conservation sans valorisation ? » *Ethnozootechnie* 52, 19-24.
- collectif (2005) « Options and strategies for the conservation of farm animal genetic resources. » *International consultation workshop*, Montpellier, November 7-10, 2005, 161 p.
- Colleau J.J., Moureaux S., Briend M., Béchu J. (2004) A method for the dynamic management of genetic variability in dairy cattle. *Genetics Selection Evolution* 36, 373-394.
- Moureaux S., Boichard D., Verrier E. (2000) « Utilisation de l'information généalogique pour l'estimation de la variabilité génétique de 8 races bovines laitières françaises d'extension nationale ou régionale. » *Rencontres Recherches Ruminants* 7, 149-152.
- Quittet E. (1963) « Races bovines françaises. » *La Maison Rustique*, Paris.
- Rochambeau H., Verrier E., Bidanel J.P., Maignel L., Labroue F., Tribout T., Palhière I., Astruc J.M., Barillet F., Chapuis H. (2003) « Mise en place de procédures de suivi de la variabilité génétique des populations animales sélectionnées et établissement de guides de gestion : application aux ovins laitiers et aux porcs. » *Les Actes du BRG* 4, 17-34.
- Société d'Ethnozootechnie (1975) « Races domestiques en péril. » *Ethnozootechnie* 13.
- Verrier E., Colleau J.J., Foulley J.L. (1989) « Perspectives d'évolution de la variabilité génétique et possibilités de progrès à long terme dans les populations animales sélectionnées. » In : M. Molénat & E. Verrier (Eds), *La gestion des ressources génétiques des espèces animales domestiques*, Lavoisier, 62-70.
- Verrier E., Moureaux S., Boichard D., Danchin-Burge C., Avon L. (2001) « Gérer la variabilité génétique des populations d'élevage : l'exemple des races bovines françaises, depuis les races en conservation jusqu'aux races nationales et internationales. » 6<sup>e</sup> Carrefour des *Productions Animales*, Gembloux, 24 janvier 2001, 43-51.
- Verrier E., Danchin-Burge C., Moureaux S., Ollivier L., Tixier-Boichard M., Mercat M.J., Maignel L., Bidanel J.P., Clément F. (2003) « What should be preserved : genetic goals and collection protocols for the French National Cryobank. » *Workshop on cryopreservation of animal genetic resources in Europe*, Paris, February 23rd, 2003, 79-89.

## Contours des ressources génétiques microbiennes

Dans le monde microbien, les ressources génétiques (si on s'accorde à les définir comme le « matériel génétique contenant des unités fonctionnelles de l'hérédité et ayant une valeur effective ou potentielle ») montrent leur importance dans des domaines extrêmement variés, touchant la santé humaine et animale (microflore digestive, pathogénicité, vaccinologie, synthèse de molécules antibiotiques...), la qualité de l'environnement (cycles biogéochimiques, pollution et dépollution), ou les biotechnologies (molécules à visées agroalimentaires, épuration, biodégradations...).

Les ressources génétiques microbiennes constituent donc un réservoir dont les contours sont parfois difficiles à dessiner tant les usages actuels et surtout potentiels sont vastes. Par ailleurs, un même individu et un même matériel génétique peuvent élargir à plusieurs de ces usages. Enfin, on sait que dans le monde bactérien les transferts de matériel génétique entre individus sont des événements courants qui complexifient encore les connections possibles entre les ressources génétiques en tant que telles et les ressources biologiques.

## Connexions entre ressources génétiques et biodiversité microbienne

En microbiologie, les connexions implicites entre ressources génétiques et biodiversité sont fortes. Les ressources génétiques sont en effet considérées comme un des principaux marqueurs de la biodiversité microbienne, (surtout depuis l'avènement de la biologie moléculaire, puis des approches génomiques), car contrairement aux macro-organismes, les traits physiologiques ou morphologiques sont difficiles à caractériser chez les micro-organismes.

## Ressources génétiques « modèles »

Jusqu'à récemment, les biotechnologies exploitaient essentiellement les ressources génétiques de souches

modèles, bien caractérisées pour leurs fonctionnements, leurs métabolismes, leurs aptitudes adaptatives et leurs caractéristiques génétiques. Ceci nécessitait une maîtrise forte (et parfois difficilement possible) du maintien en vie et de la multiplication de ces souches. On connaît à présent l'intérêt d'utiliser les ressources génétiques microbiennes dans leur complexité naturelle, même non caractérisée (consortium extrait de l'environnement par exemple). Ces approches permettent l'obtention de meilleurs rendements mais surtout une meilleure flexibilité des systèmes face à des dysfonctionnements.

Ceci est également vrai en recherche fondamentale. Les études de souches modèles pour leurs potentiels génétiques ont montré leurs limites et la richesse des ressources génétiques microbiennes ne peut s'approcher qu'en acceptant de se confronter à leur complexité. Les travaux sont à présent conduits sur des souches non dominantes *in situ*, avec des temps de génération longs, difficiles à cultiver et ont permis de découvrir des potentiels génétiques uniques.

## Conservation des ressources génétiques microbiennes :

Par analogie avec les végétaux ou les animaux, on pourrait considérer 3 modes de conservation : (i) la conservation *in situ* (dans leur écosystème d'origine, *ie* le sol, ou l'organisme hôte par exemple), (ii) la conservation *in vivo ex situ* (en culture liquide ou solide par exemple), et (iii) la conservation *ex situ* (souches lyophilisées ou congelées par exemple).

En toute rigueur, la réelle conservation des ressources génétiques microbiennes est difficile *in situ* ou *in vivo ex situ*, du fait du temps de génération très court de ces organismes qui peut conduire à des dérives des ressources génétiques (même si la conservation des souches en culture est pourtant dans les faits couramment utilisée dans les laboratoires). La seule manière de conserver réellement les ressources génétiques microbiennes est la conservation *ex situ* par l'intermédiaire de collections de souches publiques ou privées, plus ou moins accessibles et plus ou moins caractérisées. Ce mode de conservation sous-entend cependant l'isolement et la mise en culture préala-

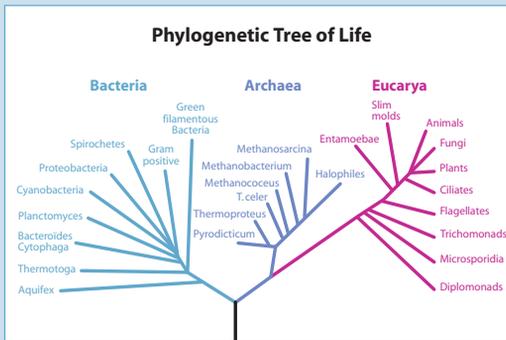
bles des souches, ce qui on le sait n'est possible que pour une petite fraction des micro-organismes présents dans les milieux naturels. La conservation *ex situ* de la réelle complexité des ressources génétiques microbiennes issues d'environnements naturels est possible par le biais de la constitution de banques de plasmides, ou de souches transformées (*E.coli* le plus souvent). Le matériel génétique est ainsi de plus en plus souvent conservé hors de l'organisme porteur. Ceci amène à discuter de la déconnexion entre ressources génétiques et ressources biologiques microbiennes.

### **Déconnexions ressources génétiques/ressources biologiques microbiennes**

Les ressources génétiques microbiennes sont de plus en plus fréquemment considérées comme des ressources déconnectées des organismes dans lesquels elles s'expriment. Ceci correspond à une certaine réalité : en environnement naturel, du fait des événements de transferts latéraux de gènes, beaucoup de groupes fonctionnels microbiens (définis sur la base de la présence de gènes de fonctions communs) sont d'origine polyphylétique et ces groupes fonctionnels ne correspondent pas aux groupes taxonomiques de ces organismes. Le matériel génétique codant pour ces fonctions peut donc s'exprimer dans des organismes aux exigences écologiques différentes. Cependant, lorsque l'on aborde la question de l'exploration ou de la conservation des ressources génétiques microbiennes par le biais de la création de banques de plasmides ou de clones, on peut se questionner sur le sens que revêt l'approche de ces ressources génétiques coupées de leur environnement cellulaire. En effet, cet environnement cellulaire permet d'instaurer les interactions biologiques complexes (cascades de régulations, quorum sensing...) qui sont parfois déterminantes pour la connaissance de l'usage possible de la ressource génétique.

Les microbes, par définition, regroupent l'ensemble des organismes microscopiques qui ne peuvent être vus sans l'aide d'appareils spéciaux en particulier les microscopes.

Les microbes appartiennent à chacun des 3 embranchements du monde vivant y compris les eucaryotes. Bactéries et Archae ne sont en fait constituées que d'organismes microscopiques. La figure ci-dessous qui représente l'arbre phylogénétique de la vie construit à partir des séquences des gènes ribosomiques montre bien l'extrême diversité des micro-organismes en comparaison des plantes et des animaux qui ne constituent que 2 branches du monde eucaryotique.



Arbre phylogénétique de la vie établi d'après les travaux de Woese, 2000

En dépit de leur importance (naturellement dans l'environnement ainsi qu'en biotechnologie), micro-organismes eucaryotiques (en particulier les champignons) et Archae ne seront pas considérés dans ce rapport qui se focalisera sur les ressources génétiques que constituent les seuls procaryotes.

## Les bactéries : des ressources génétiques très diverses

Si l'on accepte pour définition de ressources génétiques le matériel génétique constitué d'unités fonctionnelles avec une valeur effective ou potentielle il ne fait nul doute que les bactéries représentent un gisement extrêmement important sinon inépuisable de ressources génétiques. Les bactéries (comme d'autres micro-organismes eucaryotiques comme les levures) sont des acteurs clés du secteur agro-alimentaire. Elles interviennent également dans d'autres domai-

nes industriels permettant des bioconversions, constituant des systèmes de production et d'expression mais étant également des sources d'énergie. Dans le secteur de l'agriculture et de l'environnement, les bactéries interviennent dans la transformation et la dégradation des composés toxiques et permettent donc la bioremédiation mais sont aussi des agents impliqués dans le contrôle des ravageurs des cultures. Enfin, les bactéries jouent un rôle considérable dans l'industrie pharmaceutique, étant les producteurs de plus de 70% de tous les antibiotiques commercialisés à ce jour mais également de nombreux anti-fongiques ou anti-prolifératifs. Certains procaryotes sont des probiotiques très efficaces et d'autres sont impliqués à différents niveaux dans la production de vaccins.

## Les bactéries : un réservoir naturel très important de ressources génétiques

Le nombre de cellules bactériennes dans la biosphère a été estimé entre 4 et 6 x 10<sup>30</sup> représentant une biomasse équivalente à celle des végétaux (Whitman *et al.*, 1998). La majeure partie de ces cellules est localisée dans le sous-sol profond soit terrestre soit océanique alors que les bactéries qui colonisent des environnements relativement accessibles à l'homme (sols, océans etc.) ne représentent qu'une minorité (moins de 10%). Par contre ces organismes ont colonisé tous les écosystèmes de notre planète, y compris les plus inhospitaliers comme les sols glacés de l'Antarctique ou au contraire les systèmes hydrothermaux en ébullition. Un sol de culture contient jusqu'à 1 milliard de bactéries par gramme réparties dans un nombre d'espèces très important sans que l'on soit encore capable d'en préciser l'ordre de grandeur. Le nombre de cellules bactériennes colonisant un être humain (le tube digestif mais également la peau ou les muqueuses) dépasse celui des cellules humaines.

## Les bactéries : un monde encore inconnu et presque totalement inexploité

Comme indiqué précédemment la majorité des bactéries demeure inaccessible à l'homme et même celles d'accès plus aisé présentent des caractéristiques qui ont longtemps retardé leur étude et une potentielle exploitation industrielle. En effet, et quel que

soit l'environnement considéré c'est moins de 1% des bactéries qui est capable de se multiplier *in vitro* sur ou dans un milieu de culture. Toute la microbiologie fondamentale, médicale et industrielle depuis Pasteur s'est donc développée sur des (quelques) isolats bactériens ne représentant qu'une infime proportion de la diversité microbienne. De plus, la très faible taille de ces organismes, le nombre très restreint de caractères morphologiques distinctifs, l'absence d'une vraie sexualité avec au contraire la possibilité d'échanges latéraux de gènes entre cellules phylétiquement très éloignées a sérieusement compliqué les travaux d'identification, de caractérisation et de taxonomie. La notion d'espèce au sein du monde procaryotique reste sujette à discussions et les nombreux mécanismes d'évolution du génome bactérien comme les mutations ponctuelles, les déplacements de séquences d'insertion ou de transposons, le changement de phases, les transferts horizontaux de gènes qui contribuent au potentiel adaptatif de ces organismes rendent aussi plus ardues les problèmes d'identification et de classification.

### L'étude et l'exploitation des ressources génétiques bactériennes : l'approche classique

Depuis des dizaines d'années de nombreuses collections d'isolats microbiens ont été constituées mais avec des degrés très différents de spécialisation, d'exhaustivité, de caractérisation des souches, de criblage et d'organisation pour la conservation. Des collections ont été réalisées par des chercheurs « académiques » ciblées sur des taxons précis ou bien des environnements particuliers (bactéries lactiques, symbiotes et pathogènes de plantes etc.). Les isolats de ces collections sont en général très bien caractérisés et les collections parfaitement entretenues par le ou les chercheurs impliqués tant que ceux-ci sont en activité. Il est cependant à regretter que de trop nombreuses collections soient abandonnées et perdues du fait d'un changement de programmes ou du départ en retraite de la ou des personnes compétentes. Ces collections sont en général d'accès libre. De nombreuses collections de micro-organismes ont été réalisées par des compagnies privées et sont alors ciblées sur des taxons particuliers d'intérêt industriel. Ces isolats généralement identifiés très sommairement sont en revanche soumis à des cribles très performants. Ces collections font

l'objet de beaucoup de soins pour leur conservation, leur manipulation (fortement robotisée) mais sont d'accès très limité pour la communauté scientifique. Enfin, des organisations publiques ou privées telles l'ATCC aux Etats-Unis, le LMG en Belgique, la DSM en Allemagne ou l'institut Pasteur en France ont constitué des collections (d'importance variable) et proposent à la vente des isolats bactériens plus ou moins finement caractérisés.

À ces ressources génétiques typiquement microbiennes, il convient d'ajouter celles résultant de la constitution de banques d'ADN. Le génie génétique a en effet permis la constitution de banques de plasmides, cosmides, fosmidés ou chromosomes artificiels recombinants contenant des gènes de différents organismes eu- ou pro-caryotiques. Après extraction l'ADN de l'organisme (ou du micro-organisme) à étudier est coupé par une enzyme de restriction et les fragments clonés dans un vecteur adéquat pour constituer des banques d'ADN qui sont généralement multipliées dans des bactéries domestiquées comme *E. coli* (ou la levure). Ces banques d'ADN de plantes, d'animaux, de champignons ou de bactéries sont à considérer comme un nouveau type « hybride » de ressources génétiques. Les problèmes de manipulation, de conservation et de criblage seront ceux rencontrés pour les ressources génétiques typiquement microbiennes.

La caractérisation et l'identification des isolats bactériens ont beaucoup évolué ces dernières années au rythme du développement des techniques. Les hybridations ADN-ADN ont permis de définir le concept d'espèce génomique bactérienne (limite fixée à 70% d'homologie) qu'a récemment confirmé le séquençage du gène ribosomique 16S rDNA (98% de similarité). Incontestablement, le séquençage de très nombreux génomes bactériens (environ 300 en ce début d'année 2006) et le développement en aval des sciences en « omiques » comme la transcriptomique, la protéomique, la métabolomique, etc. vont permettre une bien meilleure connaissance et exploitation des ressources génétiques bactériennes.

La conservation des isolats bactériens pose généralement peu de problèmes. Les techniques les plus communément utilisées sont la congélation à très basse température des culots bactériens remis en suspension

(...)

dans du glycérol à 40% ou la lyophilisation. D'autres techniques impliquent l'inoculation d'échantillons de sol stériles. Certaines bactéries résistent toutefois beaucoup moins bien à la conservation et nécessitent des repiquages réguliers ce qui peut être très lourd pour des organismes difficiles à manipuler comme ceux se développant exclusivement en anaérobiose.

### L'étude et l'exploitation des ressources génétiques bactériennes : l'approche métagénomique

Les nombreux biais dans l'isolement en culture pure de la plupart des bactéries ont conduit à développer une nouvelle approche en microbiologie qui s'affranchit de la culture *in vitro*. Cette approche est basée sur l'extraction de l'ADN bactérien directement de l'environnement sans multiplication préalable des cellules bactériennes sur milieu de culture. De nombreux travaux ont combiné cette approche avec une amplification PCR ciblant les gènes ribosomiques permettant la constitution de banques de produits PCR dont le séquençage a permis de révéler le positionnement des bactéries non cultivées au sein d'un arbre phylogénétique. Cette stratégie a permis de dresser un inventaire parfois exhaustif de la communauté d'un écosystème particulier sans toutefois connaître les fonctions réalisées par les bactéries identifiées. Une alternative au clonage et séquençage des produits PCR est leur résolution sur gel d'agarose ou d'acrylamide (en conditions dénaturantes ou non) définissant des profils dans lesquels chaque bande peut être associée à un micro-organisme donné. Ces technologies (DGGE, T-RFLP, ARISA) présentent l'avantage de pouvoir être appliquées à d'autres gènes que les gènes ribosomiques et sont principalement utilisées afin de comparer entre elles différentes situations environnementales.

L'étape ultime de ces nouvelles approches consiste à réaliser le clonage direct de tout l'ADN extrait de l'environnement (l'ADN métagénomique) sans introduire une étape PCR. L'exhaustivité de la banque dépendra de la complexité initiale du métagénome (nombre et diversité initiale des bactéries) et de la taille des fragments clonés nécessitant pour les bactéries du sol la constitution et la manipulation de plusieurs millions de clones possédant un insert moyen de 50 kb. Si ces approches sont lourdes et nécessitent une robotisation importante elles permettent en revanche une exploration précise tant populationnelle que fonctionnelle

d'un écosystème donné. Grâce à des cribles moléculaires (PCR ou hybridations sur membranes ou lames), chimiques (analyse des surnageants de culture) ou/et biologiques (recherche directe d'une activité) les ressources génétiques microbiennes jusque-là inexplorées deviennent exploitables pour par exemple trouver de nouvelles molécules d'intérêt thérapeutique. En effet, l'organisme hôte parfaitement domestiqué (*E. coli*, *Streptomyces sp.*, *Pseudomonas sp.*) permet d'exprimer les nouveaux gènes provenant de bactéries non cultivées et de découvrir ainsi de nouvelles molécules naturelles bio-actives ou de nouvelles enzymes. Plusieurs sociétés privées se sont développées sur ce créneau (dont la start-up française LibraGen) afin d'exploiter ces nouvelles (micro-)bio-ressources. Enfin, à terme, des stratégies de métagénomique comparative permettront de mieux comprendre le fonctionnement des écosystèmes en identifiant les gènes impliqués (indépendamment du ou des micro-organismes qui les hébergent).

### Références

- Courtois S. *et al.* (2003) « Recombinant environmental libraries provide access to microbial diversity for drug discovery from natural products. » *Applied and Environmental Microbiology* 69, 49-55.
- Tyson G.W. *et al.* (2004) « Community structure and metabolism through reconstruction of microbial genomes from the environment. » *Nature* 428, 37-43.
- Venter J.C. *et al.* (2004) « Environmental Genome Shotgun Sequencing of the Sargasso Sea. » *Science* 304, 66-74.
- Whitman W.B., Coleman D.C., Wiebe W.J. (1998) « Prokaryotes : the unseen majority. » *PNAS* 95, 6578-6583.
- Woese C. R. (2000) « Interpreting the universal phylogenetic tree. » *PNAS* 97, 8392-8396.

# Identifier des ressources génétiques chez les micro-organismes

Jean-Luc SOUCIET

Université Louis Pasteur Strasbourg 1  
souciet@gem.u-strasbg.fr

ECLAIRAGE

On peut envisager d'aborder le problème des ressources génétiques à partir des données récentes issues des technologies haut débit. Successivement nous évoquerons les aspects communs aux micro-organismes, ce que permettent ou ne permettent pas les micro-organismes eucaryotiques, les nécessaires implications dans la maîtrise des flux d'informations engendrés par l'explosion des technologies robotisées du haut débit, des pistes possibles pour déchiffrer un peu plus les ressources génétiques. Etant capable de répertorier encore plus et avec encore plus de rigueur n'implique pas pour autant que l'on sera capable d'utiliser ces nouveautés.

En parlant de micro-organismes, on doit d'abord souligner que cette dénomination englobe procaryotes et eucaryotes, soit l'ensemble du vivant, alors que les mécanismes d'évolution des génomes dans ces deux cas et donc les mécanismes de création de ce que nous appelons ressources génétiques y sont extrêmement différents. Ce qui est commun reste l'aptitude à générer de très larges populations d'individus où le hasard peut permettre à priori d'expérimenter l'ensemble des contextes génétiques possibles. Une des faiblesses de la stratégie microbiologie, en plus de la difficulté à définir des milieux de culture, est l'approche clonale : comment essayer de quantifier la part de ce qui est cultivable selon la stratégie clonale parmi ce qui ne l'est pas reste un objectif de l'étude des ressources biologiques. L'approche moléculaire par métagénomique est une première stratégie de réponse. Il faut sans doute apprendre à cultiver ce qui ne l'est pas actuellement.

Dans le monde procaryotique, il semble que l'aspect bactériophage soit actuellement un peu moins étudié alors que les bactéries peuvent être infectées par un nombre significatif de phages différents capables d'apporter des spécificités géniques inédites. Cette partie d'analyse mérite peut-être de ne pas être sous-estimée. Le transfert horizontal de gènes qui semble un mécanisme prédominant pour l'évolution des génomes chez les procaryotes est, en l'état des connaissances actuelles, assez minoritaire chez les eucaryotes.

La culture, l'étude et l'entretien des souches en cultures pures sont susceptibles d'induire une réorganisation du métabolisme et de la physiologie cellulaire, que l'on peut sans doute assimiler à une étape de domestication. Ceci se traduira dans certains cas par une diminution voire un arrêt de l'expression de certains gènes. Il serait

intéressant d'évaluer, avec de nouveaux outils adaptés à cette problématique, l'importance de ce phénomène.

La biodiversité reste très largement inexplorée, mais nous commençons à disposer d'outils qui permettront à terme de la mesurer, puis de l'explorer, voire de l'exploiter. L'analyse des collections basée sur des données de séquençage aléatoire à faible couverture génomique (0,5 X) devrait permettre de quantifier la diversité réelle des espèces actuellement répertoriées dans ces collections. L'utilisation des techniques de CGH (Comparative Genomic Hybridization) devrait aussi permettre d'étudier beaucoup plus facilement les populations appartenant à la même espèce ou à des espèces proches. Tout cela permet d'imaginer que les approches génomiques correspondent à un retour de l'histoire naturelle (qui pourra devenir à terme l'histoire évolutive des génomes), quelles que soient les difficultés de culture d'un organisme identifié, on pourra quand même étudier celui-ci à partir de son génome.

Une des spécificités des micro-organismes eucaryotiques est l'utilisation possible de la recombinaison sexuée et de la ploïdie. Les possibilités de réassortiment géniques offertes sont alors considérables et, si on y associe l'effet des très nombreux éléments mobiles, les créations de nouveautés et d'associations sont encore plus importantes. La mobilisation « contrôlée » de ces éléments, la connaissance précise de leur mode de propagation, doivent sans doute être prises en compte au chapitre des ressources génétiques. Ces éléments mobiles doivent au même titre que les duplications, les délétions et autres remaniements génomiques être considérés comme les moteurs qui concourent à la formation, à la vie et à la mort des gènes.

Si l'aspect banque de ressources biologiques/génétiques est très bien établi grâce aux remarquables collections de matériels biologiques (ATCC, CBS, Institut Pasteur, CLIB, NCYC) qui devront faire cependant l'objet d'analyses génomiques détaillées, un autre aspect moins habituel doit être évoqué : banques de données informatiques, banques d'ADN génomique, banques de l'environnement. L'exploitation de ces dernières ressources va de pair avec le développement des techniques de transformations cellulaires.

Pour introduire notre conception des ressources génétiques (RG) chez les arbres forestiers, nous rappellerons deux points de contexte essentiels : la diversité des types de ressources génétiques forestières et la prégnance du contexte du changement global. De cela résulte le besoin d'aborder les ressources génétiques à des niveaux d'intégration élevés, au niveau de la (méta-)population et de l'écosystème. Dans le même temps, les recherches à un niveau plus fin de la biologie sont en plein essor. L'exemple forestier illustre ainsi un certain tiraillement du concept de ressources génétiques qui devrait intégrer connaissances et maîtrise des processus évolutifs à différentes échelles.

## Il existe divers types de RG forestières

La domestication, ou modification génétique des espèces domestiques, résulte de deux processus : une gestion directe des *pools* génétiques par sélection et une modification indirecte liée aux itinéraires techniques de conduite des populations cultivées. En agriculture, c'est généralement la même entité qui est soumise à ces deux niveaux de gestion : la variété ou la race. En revanche, pour les arbres forestiers comme pour d'autres ressources non agricoles, les deux niveaux de gestion portent sur des entités différentes : l'amélioration génétique éventuelle porte sur des populations d'espèces ciblées, comme dans l'agriculture, tandis que la sylviculture gère plus souvent des écosystèmes que des populations monospécifiques (avec un objectif de multifonctionnalité). La notion de RG devient alors plus complexe à cerner<sup>1</sup> : doit-on seulement considérer la domestication au niveau des espèces ou bien aussi au niveau des écosystèmes ? Faut-il introduire un concept de « ressource écologique » ?

Si l'on ne regarde que le niveau génétique intraspécifique, les RG utilisées à des fins forestières se répartissent en 3 niveaux de domestication :

- les **RG améliorées** sont les populations dont on contrôle directement la reproduction pour une utilisation en reboisement, en plantation. Seules quelques essences sont concernées et cela ne représente qu'une faible part de la surface forestière de production. Les forestiers français utilisent le terme de « matériel forestier de reproduction » (MFR) pour désigner les graines et les plants utilisables en reboisement à des fins forestières. La

sélection anthropique est extrêmement récente et d'intensité variable : on y trouve des populations améliorées par simple sélection massale (provenances sélectionnées ex. hêtres, chênes), des populations issues de schémas de type sélection récurrente atteignant la 3<sup>e</sup> ou 4<sup>e</sup> génération (ex. pin maritime), des populations synthétiques d'espèces exotiques (ex. vergers à graines de douglas), des hybrides interspécifiques (ex. mélèze hybride, peupliers), des variétés clonales issues ou non de populations améliorées (ex. *merisier*)<sup>2</sup>. Il existe une réglementation pour l'utilisation des MFR, initialement établie au niveau national et maintenant harmonisée au niveau européen. Cette réglementation vise avant tout à garantir la qualité à long terme du boisement, mais elle intègre aussi des notions de préservation de la diversité génétique des RG

- les **RG à démographie contrôlée** sont des populations dont l'homme n'affecte la reproduction que de façon indirecte, via une gestion directe de leur démographie par la sylviculture : ce sont des populations en régénération naturelle. Il n'existe pas ici de réglementation qui prenne en compte la conservation des RG, cette dimension doit être prise en compte par les pratiques sylvicoles recommandées. Notons qu'il existe des écoles ou des courants dans ces pratiques sylvicoles, par exemple le mouvement « sylviculture proche de la nature » qui, venant de l'Est, s'est développé en France depuis les années 1980 et vise à promouvoir une sylviculture dite « jardinée » : sylviculture individualisée au niveau de chaque arbre et non par parcelles, ce qui conduit à des structures démographiques complexes où les classes d'âge sont mélangées dans le même espace, conduisant donc à des dynamiques génétiques sans doute originales mais pas encore bien cernées...

<sup>1</sup> Lefèvre (2004) « Human impacts on forest genetic resources in the temperate zone : an updated review ». *Forest Ecology and Management* 197, 257-271.

<sup>2</sup> Des peupliers OGM sont peut-être déjà cultivés à une échelle commerciale en Chine ?

• les **RG sauvages** sont des populations dont l'homme ne contrôle directement ni la reproduction ni même la démographie. Ces espèces peuvent néanmoins être incluses dans des forêts gérées. La très grande majorité des bois tropicaux rentre bien sûr dans cette catégorie mais cela concerne aussi un grand nombre d'essences tempérées, notamment des espèces très disséminées ou des espèces strictement pionnières de milieux perturbés dont la dynamique est principalement régie par des processus écologiques au niveau de l'écosystème. Notons que sauvage ne veut pas forcément dire sans valeur économique : même en zone tempérée, les arbres de plus grande valeur économique individuelle sont souvent dans cette catégorie de RG (ex. feuillus précieux), ce qui s'explique en partie par leur âge d'exploitation et la relative jeunesse de la domestication (les chênes de Colbert de la forêt de Tronçais, que l'on classerait dans les RG domestiques sont des exceptions).

Une même unité de gestion (une forêt) est souvent composée de RG de différents niveaux : parcelles plantées en MFR jouxtant des parcelles de la même essence en régénération naturelle ; feuillus précieux disséminés dans une chênaie, etc. Cette typologie n'est pas non plus faite de groupes étanches et certaines essences tombent dans plusieurs catégories. Le bois de merisier provient aujourd'hui avant tout de l'exploitation de RG sauvages, mais quelques plantations clonales ont vu le jour depuis les années 1980. Dans une tendance inverse, le douglas (espèce exotique) est la première essence pour la filière des graines et plants forestiers mais, pour des raisons économiques, certains commencent à envisager la régénération naturelle des premiers boisements réalisés. Le bois de pin sylvestre provient probablement des 3 types de RG.

Il ne faut pas oublier que les mêmes ressources génétiques peuvent aussi être utilisées à des fins non forestières : haies bocagères, projets paysagers éventuellement liés à de grandes infrastructures (TGV, autoroutes), aménagements divers en zones rurales ou urbaines. De tels projets sortent de la réglementation forestière mais peuvent avoir un impact majeur sur les RG forestières, ne serait-ce qu'au travers des flux de gènes ou de pathogènes. Ces utilisations offrent aussi des perspectives de valorisation de la diversité (notamment des collections *ex situ*). On en

est actuellement au stade de la réflexion pour définir une ligne de conduite raisonnée pour de telles valorisations des RG.

### Un contexte de changement global très prégnant chez les arbres

Le changement climatique, mais aussi les changements de pratique et d'usage ou l'évolution de la demande sociale interviennent à des échelles de temps qui sont de l'ordre de grandeur d'une génération d'arbre. Ces changements sont donc susceptibles de modifier les perspectives en terme de RG forestières avant même que l'effet des politiques menées dans un contexte antérieur ne puisse être évalué ! Face à ces changements environnementaux ou socio-économiques, des notions élargies d'**adaptabilité** ou de **résilience** sont donc à mettre en avant pour les RG forestières.

Le changement climatique commence déjà à perturber les populations existantes (ex. dépérissement de sapins dans le Sud-Est de la France suite à la sécheresse 2003 : dépérissement des chênes de la forêt de Vierzon par effet combiné de la sécheresse et de fortes attaques d'oïdium), c'est-à-dire les arbres reproducteurs actuels, et affectera les peuplements issus de la régénération qui se met en place aujourd'hui. Trois réponses possibles sont envisageables à plus ou moins long terme. Dans l'immédiat, c'est la **plasticité** individuelle des arbres et la **résilience** des structures forestières en place qui peuvent permettre aux forêts de répondre au changement climatique. A moyen terme, des résultats récents suggèrent que la diversité génétique adaptative dans les peuplements forestiers devrait permettre une **évolution génétique** en quelques générations (dès la 1<sup>re</sup> génération). Concrètement, on mesure encore mal l'ampleur potentielle d'une telle évolution adaptative mais on imagine bien qu'elle diffèrera selon les 3 types de RG définis ci-dessus : il n'est d'ailleurs pas dit que les vergers à graines pourront évoluer plus vite que la régénération naturelle... Enfin, à plus long terme, les populations d'arbres sont susceptibles de **migration** : cela prendra plusieurs générations par voie naturelle mais peut être accéléré par l'intervention anthropique.

Au niveau des usages, le coût des MFR et la baisse des subventions au reboisement (liée notamment à la fin du fond forestier national, taxe sur les produits de transformation du bois établie après guerre) tendent (...)

à renforcer les surfaces forestières en régénération naturelle et à diminuer le nombre d'essences reboisées par MFR.

Enfin, la demande faite à la forêt évolue vers plus de multifonctionnalité, cette demande émanant aussi d'utilisateurs non gestionnaires de la forêt (avec des difficultés non résolues de savoir qui doit assumer ces choix et comment). La biodiversité peut être un objectif exprimé comme tel, par exemple dans les documents d'objectif Natura 2000, mais ce sont alors surtout les composantes « visibles » de la biodiversité qui sont visées (habitats, espèces), la composante « invisible » du niveau génétique intra-spécifique de la biodiversité n'intervenant que de façon indirecte pour la qualité sanitaire des populations.

### Vers une évolution de la conception des ressources génétiques, notamment forestières

Le programme national de conservation des ressources génétiques forestières est organisé depuis les années 1990 par la Commission des ressources génétiques forestières (CRGF) et la signature d'une charte par l'ensemble des acteurs de la filière forestière en 1999. Des réseaux de conservation opérationnels sont mis en place au plan national. Parallèlement, le processus de la Conférence Ministérielle pour la Protection des Forêts en Europe intègre depuis 1990 la conservation des RG dans ses préoccupations. Le programme EUFORGEN, coordonné par l'IPGRI, a mis en place des réseaux de réflexion et de coordination des actions nationales. Que ce soit au niveau national opérationnel comme au niveau de la coordination internationale, les réseaux ont été historiquement mis en place sur une base espèce, avec comme priorité la conservation *in situ* (régénération naturelle) quand cela est possible, la conservation *ex situ* (collections *in vivo* ou *in vitro*) étant restreinte à des cas particuliers. La mise en place initiale de ces réseaux n'intégrait pas spécifiquement le contexte du changement global et s'appuyait sur des concepts généraux de « gestion génétique » de population.

Certains d'une évolution du contexte global mais actuellement incapables de prédire l'intensité de cette évolution dans toute sa complexité, nous sentons bien que l'enjeu de la gestion est le maintien du potentiel évolutif des RG et que ce potentiel ne se résume pas à

la seule diversité génétique classiquement mesurée (diversité des marqueurs ou variance additive). Plasticité, intégration phénotypique et capacité de migration sont des facteurs également essentiels à prendre en compte. Le contexte de changement global nous pousse à aborder plus directement la gestion des processus évolutifs : on voudrait passer de la **gestion de la diversité** à la **gestion de la trajectoire évolutive des populations** (ordre supérieur). Comment préserver le potentiel adaptatif (plasticité ou capacité évolutive) des RG forestières tout en améliorant la satisfaction de nos besoins ? C'est ainsi que de nouvelles structures de réflexion se mettent en place tant au niveau de la commission nationale CRGF que du programme EUFORGEN, notamment en ce qui concerne l'impact de la sylviculture sur les forces d'évolution de la diversité génétique. On passe d'une structure en réseaux « espèces » à des réseaux « processus ». Si cela reste encore au niveau des processus génétiques infra-spécifique, on voit bien aussi qu'il serait indispensable d'aborder les processus de dynamique des RG à l'échelle « écosystème », qui est l'échelle ultime de la gestion : on a du mal à concevoir la conservation des RG de peuplier noir ou d'ormes sans aborder la gestion écologique des ripisylves, on voit mal comment gérer les RG sauvages d'espèces si disséminées qu'elles ne forment pas de populations sans aborder les questions de gestion écologique des écosystèmes (oiseaux disséminateurs, pollinisateurs...). On peine encore à aborder cette échelle.

Dans le même temps, en France, le développement de la biologie intégrative dans le domaine des RG semble aller essentiellement vers les échelles plus fines, les équipes de recherche allant toujours plus loin sur des espèces modèles de moins en moins nombreuses<sup>3</sup>. Indiscutablement, ces travaux nous apportent de nouvelles connaissances et de nouveaux regards indispensables pour répondre aux nouveaux défis posés par les RG dans le contexte du changement global. Mais il ne faudrait pas oublier d'aborder l'intégration aux niveaux supérieurs ni mettre de côté tout un pan de la diversité par une focalisation excessive sur un petit nombre d'espèces modèles.

Par exemple, la connaissance de quelques gènes impliqués dans la réponse aux conditions climatiques

chez une espèce est sans doute nécessaire mais sûrement pas suffisante pour répondre aux questions posées en terme de RG forestières par le changement climatique. Une gestion raisonnée des RG doit intégrer des processus à différentes échelles, de la cellule à l'écosystème. Dans le cas particulier des arbres forestiers, les objets pertinents de la gestion se situent plutôt au niveau de la population et de l'écosystème, il est vrai que ce n'est pas forcément le cas pour d'autres RG.

D'un côté, notre conception des RG évolue vers de nouvelles questions posées par des objectifs de gestion dans un contexte de changement global. Dans le même temps, de nouvelles connaissances et de nouvelles approches scientifiques se développent rapidement. Cette évolution du concept de RG nécessite un **double effort : intégration verticale des connaissances sur les processus abordés à différentes échelles et transfert horizontal des connaissances acquises sur des espèces modèles à une plus large biodiversité**. Comment les nouvelles connaissances de la biologie fine nous conduisent-elles à reconsidérer le concept de RG ? Comment nous permettent-elles de passer de la gestion des populations à la maîtrise des processus évolutifs dans une gestion des écosystèmes ?

---

<sup>3</sup> au Royaume Uni, l'équipe de N. Maxted et B. Ford-Lloyd développe une approche exhaustive des RG végétales qui a consisté dans un premier temps à recenser la liste des espèces euro-méditerranéennes apparentées aux plantes cultivées (> 21000 taxons ! [www.pgr-forum.org](http://www.pgr-forum.org)), puis à établir des règles de priorisation en terme de conservation (par des méthodes de type « red-listing » qui, certes, ne prennent pas vraiment en compte les processus) et à proposer des stratégies globales de gestion, par groupe d'espèces ou par écosystèmes renfermant plusieurs espèces d'intérêt. Cette approche horizontale est assurément bien complémentaire de ce qu'on observe en France.

Le premier programme Génoplante a été lancé en 1999 à l'initiative de sept membres fondateurs : le CIRAD, le CNRS, l'INRA et l'IRD, représentant la recherche publique et Bayer CropScience, Biogemma et Bioplante représentant les firmes impliquées dans l'amélioration et la protection des cultures. Il fut alors mis en place pour une durée de 5 ans, jusqu'en 2004.

Après une période transitoire (2004-2005) un nouveau programme, Génoplante 2010 a vu le jour en 2005 pour une nouvelle période de 5 ans. Les membres publics sont les mêmes. Les membres privés comprennent de nouveaux membres, Arvalis et Sofiprotéol, alors que Bioplante n'est plus présent car il a renoncé à poursuivre son effort dans ce domaine. Par ailleurs, le programme est ouvert à des partenaires nouveaux, publics comme privés qui souhaitent s'impliquer dans certains projets bien identifiés.

Les programmes poursuivent une double ambition : offrir aux chercheurs un espace de créativité et d'excellence sur l'analyse des génomes végétaux et développer l'innovation en agriculture pour répondre aux attentes de la société et par conséquent du marché en matière de qualité de l'alimentation et de protection de l'environnement. Dans cette dernière perspective, les recherches visent à identifier les gènes permettant l'amélioration des caractéristiques des plantes ou la découverte de nouvelles molécules agrochimiques plus efficaces et plus respectueuses de l'environnement.

Au départ, le premier objectif fut de lancer des recherches sur la génomique des plantes cultivées majeures pour notre pays : maïs, blé, colza, tournesol et pois (caractères agronomiques, résistance aux maladies et qualité). En complément et en appui à cet objectif, le second volet du programme, « Génoplante Générique » a permis de développer des thématiques d'intérêt général comme la mise en place de nouveaux outils d'analyse, la bio-informatique, l'analyse des génomes de plantes modèles, riz et *Arabidopsis thaliana* et l'étude de caractères d'intérêt facilement identifiables chez certaines espèces cultivées (piment, melon, tomate, vigne...).

Le programme a généré de nombreuses ressources biologiques, vivantes ou génétiques et moléculaires.

Dans le cas du maïs, espèce cultivée mais aussi modèle pour l'évolution des génomes végétaux (envahissement par des éléments mobiles et perte de la colinéarité entre lignées par exemple), les ressources moléculaires comprennent : des clones séquencés d'EST, des données d'analyse de transcriptomes et de protéomes dans différentes conditions agrophysiologiques, pour différents organes et pour diverses lignées des données de cartographie génétique et de localisation de QTL dans différents contextes génétiques. La validation de gènes candidats pour telle ou telle cible agronomique ou intervenant dans une caractéristique de qualité, fait intervenir et par conséquent nécessite la création de populations de mutagenèse (élément mobile Mutator), de lignées issues de transformation génétique, de populations polymorphes sans déséquilibre de liaison, permettant des études d'association.

Des ressources du même type ont été créées pour les autres espèces : blé, colza, tournesol, pois. Il s'ajoute pour certaines espèces des banques BAC complètes (blé, colza, tournesol, radis) ou partielle (melon).

Dans le cas de l'espèce modèle *A. thaliana*, une population de près de 60 000 lignées d'insertion d'un ADN-T a été caractérisée par le séquençage systématique des bordures de ces insertions (FST, Flanking Sequence Tag). D'autres populations du même type ont été produites dans le monde de telle sorte que la communauté scientifique peut avoir accès très librement à au moins un allèle muté pour le gène de son choix. Le même type de ressource est en cours de production chez le riz, pour laquelle le CIRAD a joué un rôle de pionnier.

Dans le cas d'*A. thaliana*, les ressources génétiques correspondantes sont disponibles auprès de Centres Internationaux (Nottingham, Columbus) ou nationaux (Versailles, Tsukuba). Dans le cas du riz, le CIRAD et Biogemma sont dépositaire des échantillons de graines provenant du programme Génoplante, qui sont produites après multiplication au CIAT en Colombie. D'autres collections ont été générées en Chine et au Japon par exemple. Ces ressources ne sont pas aussi librement distribuées que les ressources *Arabidopsis*.

En marge des programmes de génomique et depuis que le séquençage de son génome a été réalisé, des ressources naturelles d'*Arabidopsis* sont de plus en plus recherchées et caractérisées. Elles donnent lieu à la création de nombreuses populations de lignées recombinantes obtenues à partir de croisements entre accessions, afin de détecter des allèles ayant des effets sur divers caractères quantitatifs. Dans le cas français, ces ressources sont produites et centralisées à Versailles. La légumineuse modèle, *Medicago truncatula*, fait l'objet de plusieurs programmes de création de mutants d'insertion (utilisation du rétro transposon Tnt1 de tabac). Le Centre INRA de Montpellier a en charge les ressources naturelles de cette espèce.

Les ressources moléculaires (clones d'ADN essentiellement) générées dans le programme Génoplante ont pour vocation, pour la plupart d'entre elles et avec d'autres ressources du même type créées par la Recherche Publique, à être déposées au Centre National de Ressources Génomique Végétale qui a été créé à Toulouse par l'INRA et qui a aussi pour mission de les distribuer.

En conclusion, la gestion des ressources biologiques générées par la génomique s'organise autour de ces programmes. Comme elle, elle suppose des investissements relativement lourds.

Les ressources génétiques sont devenues un objet de politique publique vers la fin des années 70, lorsque des négociations internationales se sont ouvertes à la FAO. Le Mexique y avait posé la question du statut des ressources génétiques détenues en collections *ex situ* hors de leur pays d'origine, au regard de celui que conférait la propriété intellectuelle aux nouvelles variétés végétales.

Or paradoxalement, alors que ces premières interrogations étaient avant tout juridiques, de portée internationale et de nature essentiellement agricole, les premières véritables politiques publiques dans ce domaine ont porté sur la conservation, se sont développées dans un cadre principalement national, et ont trouvé leur fondement juridique dans un accord environnemental, la Convention sur la Diversité Biologique (CDB). La France s'est aussi inscrite dans cette approche en adoptant, en 1998, sa Charte Nationale pour la gestion des ressources génétiques.

En effet si, de façon générale, les politiques publiques reconnaissent toutes, à des degrés divers, la dimension trans-sectorielle et collective de la gestion des ressources génétiques, elles peinent à la traduire en mécanismes collectifs, et plus encore à la conforter juridiquement et financièrement. À ce double challenge de la coordination et de la pérennité est venu progressivement s'ajouter une nouvelle difficulté : celle d'intégrer véritablement l'utilisation des ressources, avec un maintien de leur potentiel évolutif, dans une gestion dynamique de la diversité génétique. Tout se passe comme si la France faisait preuve d'un dynamisme exemplaire lorsqu'il fallait gérer ses ressources de façon statique, mais se trouvait sidérée lorsqu'il fallait entrevoir une conservation évolutive.

## **La conservation des ressources génétiques : des politiques adoptées, mises en œuvre, mais toujours fragiles**

Les milieux scientifiques et opérateurs de la sélection, notamment pour l'agriculture et l'alimentation, ont joué un rôle essentiel pour sensibiliser les opinions publiques et décideurs politiques aux risques de perte de diversité génétique associés à l'anthropisation des espaces, et à l'uniformisation des cultures, des élevages et des usages culturels et industriels. Ils ont également rapidement mis en place, indépendamment des

cadres intergouvernementaux classiques, des instruments de conservation de cette diversité menacée : collections *ex situ* des centres internationaux de recherche agronomique, des réseaux régionaux notamment en Europe (ECP/GR, ERFP, EUFORGEN), et des bases de données internationales (VIEWS, DAD-IS). Au niveau local et à titre d'exemple, au cours des dernières années, les semenciers français ont eu un impact fort pour le maintien de la diversité. Il en est de même pour les organisations de l'élevage en France. Depuis lors, la régulation politique et juridique de ces activités semble « courir après » la pratique.

L'Engagement International sur les ressources phyto-génétiques, dès son adoption par la FAO en 1983, posait un problème aux différents acteurs. En effet, il semblait instituer une différence entre des variétés nouvelles protégeables par droit de propriété intellectuelle et des ressources génétiques connues qualifiées de « patrimoine commun de l'humanité ». En 1992, la Convention sur la Diversité Biologique abandonne ce principe et adopte celui de « souveraineté nationale ». Cette nouvelle situation est rapidement apparue difficilement compatible avec les activités collectives de conservation et de sélection menées dans le domaine agricole et alimentaire. La FAO a donc dû remettre en chantier l'Engagement International pour faire coïncider principes et pratiques d'échanges, au moment même où la CDB imposait aux États de développer une politique et un cadre juridique nationaux pour ces activités. Les États se sont ainsi engagés dans un processus itératif entre les volontés et les besoins nationaux et régionaux de régulation. Mais il semble aujourd'hui que cette politique a souvent donné naissance à des instruments, essentiellement juridiques, qui s'apparentent plus à ceux de la concession et de la prospection d'un stock minier qu'à la gestion d'un patrimoine vivant.

La France toutefois s'inscrit dans cette dynamique de façon originale, en assumant la dimension trans-sectorielle et transnationale de la problématique des ressources génétiques. Le BRG est le reflet de cette situation. La Charte Nationale pour la gestion des ressources génétiques en est la concrétisation. Le dispositif de gestion par réseaux, associant l'ensemble des opérateurs susceptibles de détenir des ressources génétiques et les reliant aux dispositifs régionaux (ECP/GR, Euforgen, ERFP, instances de l'Union

Européenne en charge de projets - règlement 870-04 - et de régulation - Groupe législation semences et plants) et internationaux (Commission des Ressources Génétiques pour l'Alimentation et l'Agriculture de la FAO, Convention sur la Diversité Biologique) en est l'élément structurant.

Cependant, les approches collectives et transversales peinent à trouver les outils juridiques et financiers nécessaires à leur pérennité. Depuis la constitution des premières Collections nationales, le BRG a multiplié études et consultations sur le statut en France des ressources génétiques lorsqu'elles ne sont pas susceptibles de protection par droits de propriété intellectuelle, et sur le statut de collections constituées et gérées collectivement au titre du patrimoine national, mais que ni l'État ni l'ensemble des opérateurs impliqués n'ont les moyens (financier, matériel et humain) d'en garantir la conservation à long terme. Si les acteurs de terrain sont désormais bien sensibilisés à l'importance et à l'urgence d'une consolidation juridique, ils ont parfois le sentiment que les pouvoirs publics n'en ont pas encore pris la mesure.

En outre, le champ des acteurs désireux d'être associés au dispositif collectif s'est souvent étendu au-delà de ceux qui avaient été associés à l'élaboration de cette politique : communautés autochtones, groupes d'agriculteurs, groupements d'amateurs... Or s'ils rejoignent souvent les initiateurs de ces politiques sur l'importance et les objectifs de la conservation, ils en remettent parfois en question ses modalités au nom de leurs préoccupations quant à l'utilisation de ces ressources. Leur implication dans la politique nationale de gestion de la diversité génétique n'a pour l'instant pas encore dépassé la participation à quelques projets de recherche ou colloques, et leur place dans cette politique reste à définir.

Parmi ces nouveaux acteurs, ceux qu'intéresse la diversité génétique outre-mer ont une spécificité qui est encore mal cernée au niveau national : l'articulation de l'Etat français, des collectivités d'outre-mer auxquelles la révision constitutionnelle de 2003 accorde un régime de spécialité législative modulée et d'autonomie, notamment sur la diversité biologique, des communautés autochtones et de l'ensemble des autres acteurs publics et privés reste à définir, tant au niveau local que national.

Enfin, si les réseaux européens de coopération figurent en bonne place dans la politique nationale, le nécessaire *continuum* entre coopération régionale et régulation internationale est parfois remis en cause, et la problématique d'équité nord-sud portée par le mécanisme de partage des avantages découlant de l'utilisation des ressources n'est pas encore pleinement intégrée par la politique nationale et ses acteurs, à l'exception du secteur de la sélection végétale pour l'agriculture et l'alimentation.

### **Le maintien du potentiel évolutif : une nouvelle dimension à intégrer dans les politiques publiques et dispositifs collectifs**

Progressivement, les efforts de communication et de sensibilisation à la problématique des ressources génétiques entrepris par les gouvernements et acteurs publics ou privés impliqués portent leurs fruits, et suscitent de nouvelles initiatives ou demandes d'information et d'implication dans la gestion de la diversité génétique. Ces nouveaux acteurs sont souvent motivés par une représentation des ressources et des enjeux très différents de ceux des acteurs déjà impliqués dans le dispositif de gestion. Ils peuvent parfois même avoir une position antagoniste à une perception « classique » d'une génétique utilisant des outils modernes indispensables à son évolution et à son maintien à un haut niveau de compétitivité. En outre, souvent dotés de moyens plus faibles que les institutions déjà impliquées dans la conservation, ces nouveaux acteurs sont à la recherche de modalités d'actions légères, préservant leur indépendance et leur permettant d'acquérir légitimité et reconnaissance.

La France n'a pas su gérer cet ensemble des acteurs de la conservation qui, tous, cherchent à ancrer localement et culturellement leur action par la préservation de races ou variétés locales. L'objectif simple est d'appuyer les actions sur des outils qui en permettent la viabilité économique (indications géographiques, signes de qualité). Cette approche fait apparaître plusieurs groupes qui se trouvent alors en compétition pour l'usage exclusif du nom sous lequel est connue du public la ressource génétique en question : les producteurs locaux titulaires de ce titre, les conservateurs qui diffusent la ressource génétique et les gestionnaires d'autres populations qu'ils considèrent

comme plus représentatives de la race. Les pouvoirs publics n'ont pas encore su créer l'interface (qui n'est pas forcément une commission supplémentaire) entre biologie, droit et économie pour permettre à chacune de ces activités de coexister et, si possible, de se compléter.

L'évolution des sciences du vivant et des technologies élargit de plus en plus le champ de définition et d'utilisation des ressources génétiques au-delà des domaines agricoles, alimentaires et pharmaceutiques. Les besoins de détermination, de contrôle, de suivi et sélection de ces ressources doivent maintenant se comprendre de façon plus large qu'aux premiers temps de leur gestion. De nouveaux acteurs doivent encore être associés dans une perspective de gestion dynamique d'un stock génétique dont l'évolution doit permettre de maintenir et de développer une gamme élargie d'usages. La politique en matière de Centres de Ressources Biologiques dont la France a pris l'initiative peut contribuer à cette perspective.

Les acteurs économiques de l'utilisation des ressources génétiques ne sont pas les seuls dont l'intervention dans les prises de décision en matière de choix et modalités de conservation de la diversité génétique doit désormais être prise en compte. De façon croissante, une revendication, issue de l'information diffusée par les médias, s'exprime pour que les choix dans les domaines du vivant ne se fassent plus sur les seules bases des besoins économiques sectoriels et des connaissances scientifiques. Les politiques et institutions de gestion des ressources génétiques vont donc devoir s'interroger sur l'ouverture de la décision vers le consommateur - citoyen. La France peine encore à intégrer cette dimension.

Il n'est pas question de vouloir ou de penser couvrir par son dispositif de gestion de la diversité génétique l'ensemble des activités, secteurs et régulations d'utilisation des ressources génétiques. C'est le double challenge de l'utilisation durable de la diversité génétique qu'il faut désormais relever : intégrer pleinement, en concertation avec l'ensemble des acteurs concernés, les problématiques des ressources génétiques dans les diverses politiques sectorielles ; intégrer l'évolution biologique, sociale et celle des connaissances dans la politique et le dispositif nationaux de gestion de la diversité génétique.

Par rapport aux autres pays, la France a adopté très tôt une politique et un dispositif national de gestion de sa diversité génétique. Ils fonctionnent aujourd'hui avant tout par la mobilisation constante des acteurs de terrain, mais peinent à trouver une concrétisation juridique et un engagement politique continu des pouvoirs publics. Or cette politique doit maintenant intégrer pleinement les dynamiques biologiques de l'évolution, l'utilisation des ressources génétiques, et l'élargissement de la communauté concernée par les ressources génétiques comme des composantes essentielles d'une véritable gestion de la diversité génétique. Cette vision renouvelée de la gestion des ressources génétiques aura forcément un impact institutionnel, sur le dispositif qui fonctionne actuellement en France, mais probablement aussi au-delà.

# Liste des sigles

**ARISA** : Automated rRNA Intergenic Spacer Analysis

**ATCC** : American Type Culture Collection

**BAC** : Bacterial Artificial Chromosome  
(vecteur de clonage)

**BRG** : Bureau des Ressources Génétiques

**CBS** : Centraal Bureau voor Schimmelcultures (= bureau central des cultures de champignons des Pays-Bas)

**CDB** : Convention sur la Diversité Biologique

**cDNA** : ADN circulaire

**CGH** : Comparative Genomic Hybridization

**CIRA** : Centre International de Recherche Agronomique

**CIRAD** : Centre de Coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement

**CLIB** : Collection de Levures d'Intérêt Biotechnologique

**CNRS** : Centre National de la Recherche Scientifique

**CNUCED** : Conférence des Nations Unies pour le Commerce et le Développement

**COV** : Certificat d'Obtention Végétale

**CRGF** : Commission sur les Ressources Génétiques Forestières

**DAD-IS** : Domestic Animal Diversity Information System

**DGGE** : Denaturing Gradient Gel Electrophoresis  
(= électrophorèse en gradient de gel dénaturant)

**DSM** : Deutsche Sammlung von Mikroorganismen  
(= collection allemande de micro-organismes)

**ECP/GR** : European cooperative programme for crop genetic resources networks

**ENSAM** : Ecole Nationale Supérieure d'Agronomie de Montpellier

**ERFP** : European Regional Focal Point for animal genetic resources

**EST** : Expressed Sequence Tag  
(= marqueur de séquence exprimé)

**EUFORGEN** : European forest genetic resources programme

**FAO** : Food and Agriculture Organisation of the United Nations

**FST** : Flanking Sequence Tag

**GCRAI** : Groupe consultatif pour la recherche agronomique internationale

**IBPGR** : International Board for Plant Genetic Resources

**IFB** : Institut Français de la Biodiversité

**INA P-G** : Institut National Agronomique Paris-Grignon

**INRA** : Institut National de la Recherche Agronomique

**IPGRI** : International Plant Genetic Resources Institute  
(centre international du GCRAI sur les ressources phylogénétiques)

**IRD** : Institut de Recherche pour le Développement

**LMG** : Laboratorium Microbiologie rijksuniversiteit Gent  
(= collection des cultures de micro-organismes de l'université royale de Gand, Belgique)

**MFR** : Matériel Forestier de Reproduction

**NCYC** : National Collection of Yeast Cultures  
(= collection nationale de levures, Royaume-Uni)

**OCDE** : Organisation de Coopération et de Développement Economique

**OGM** : Organisme Génétiquement Modifié

**OMC** : Organisation Mondiale du Commerce

**PCR** : Polymerase Chain Reaction  
(= réaction en chaîne de la polymérase)

**PI** : Propriété Intellectuelle

**QTL** : Quantitative Trait Loci

**RG** : Ressource Génétique

**RGA** : Ressource Génétique Animale

**T-RFLP** : Terminal Restriction Fragment Length Polymorphism

**UPOV** : Union internationale pour la Protection des Obtentions Végétales

**WIEWS** : World Information and Early Warning System

**YAC** : Yeast Artificial Chromosome (vecteur de clonage)

## Membres de la Commission Scientifique

**PRESIDENT : VERRIER Etienne** (INA P-G, Paris)

**BLONDEL Jacques** (CNRS, Montpellier)

**BUSTIN Nicole** (INRA – CPOV, Paris)

**CASSIER Maurice** (CNRS, Villejuif)

**CHARRIER André** (ENSAM, Montpellier)

**CUGUEN Joël** (Université Lille 1)

**DEGRANGE Valérie** (Université Lyon 1)

**EGGEN André** (INRA, Jouy-en-Josas)

**FELDMANN Philippe** (CIRAD, Montpellier)

**GRAND Claude** (RAGT, Rodez)

**GRENAND Françoise** (IRD, Orléans)

**JOLY Pierre-Benoît** (INRA, Ivry sur Seine)

**LEFEVRE François** (INRA, Avignon)

**MORET Jacques** (MNHN, Paris)

**PHAM Jean-Louis** (IRD, Montpellier)

**SOUCIET Jean-Luc** (Université Strasbourg 1)

**TIXIER-BOICHARD Michèle** (INRA, Jouy-en- Josas)

## Contributeurs

**CHARRIER André** (ENSAM, Montpellier)

**COLLIN Eric** (Cemagref, Nogent/Vernisson)

**DEGRANGE Valérie** (Université Lyon 1)

**FRIDLANSKY Françoise**

**LEFEVRE François** (INRA, Avignon)

**MOUNOLOU Jean-Claude**

**PELLETIER Georges** (INRA, Versailles)

**PLANCHENAULT Dominique** (BRG, Paris)

**SIMONET Pascal** (CNRS – Ecole Centrale, Lyon)

**SONTOT Andrée** (BRG, Paris)

**SOUCIET Jean-Luc** (Université Louis Pasteur, Strasbourg)

**TIXIER-BOICHARD Michèle** (INRA, Jouy-en-Josas)

**VERRIER Etienne** (INA P-G, Paris)

**Coordination :**

Andrée SONTOT, Dominique PLANCHENAU, Armelle SAIHI (BRG)

**Crédits photos**

BRG, MNHN / Roquebert (p.4), INRA / Slagmulder (p.8), CNRS / Mansion Nathalie (p.14).

**Création graphique**

Véga : 01 41 95 86 54

**Impression**

Présence Graphique

Dépôt légal : Septembre 2006



## Bureau des ressources génétiques

16, rue Claude Bernard

F-75231 Paris cedex 05

[www.brg.prd.fr](http://www.brg.prd.fr)

ISBN 2-908447-36-3