

**ELEMENT DU MODULE 2 :
GENETIQUE ET AMELIORATION
DES PLANTES**

Réalisé par : Pr M.
CHERKAOUI

**Partie 1: NOTIONS DE BASE DE
L'ANALYSE DE LA VARIATION
DANS LES POPULATIONS
NATURELLES**

DEFINITION

Le terme variation traduit le fait que tous les êtres vivants ne sont pas semblables entre eux.

Elle désigne la diversité des espèces, celle de leurs gènes. Elle reflète et conditionne l'histoire évolutive des espèces, leurs capacités d'évolution et d'adaptation, l'équilibre et la pérennité des écosystèmes.

Sans variation, il ne peut y avoir d'évolution

I- ORIGINE DE LA VARIATION :

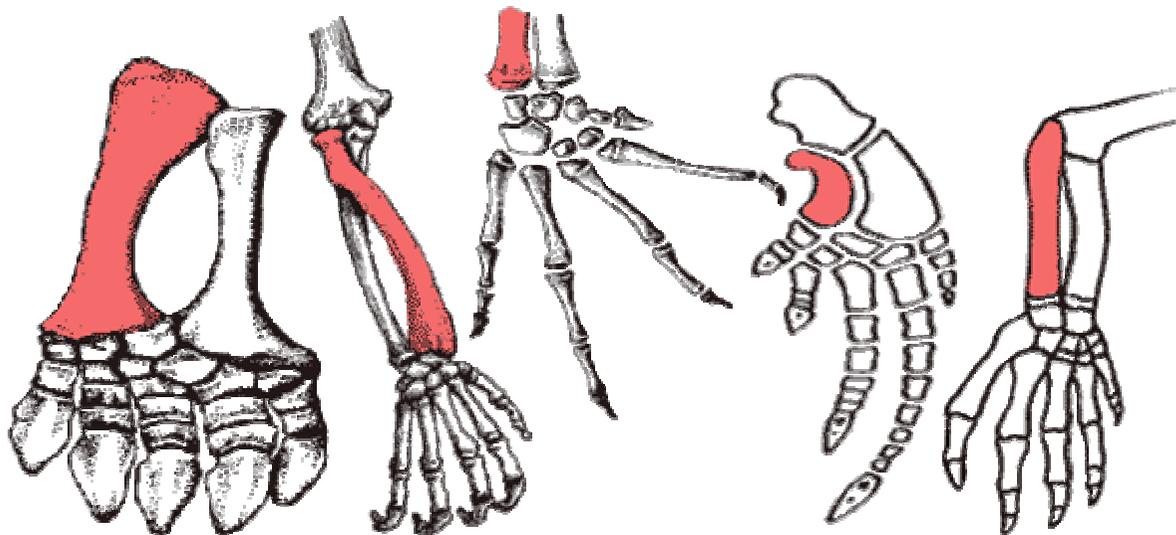
L'EVOLUTION

Les fossiles des êtres disparus confirment l'évolution

A partir de l'étude des fossiles, on peut faire les constats suivants

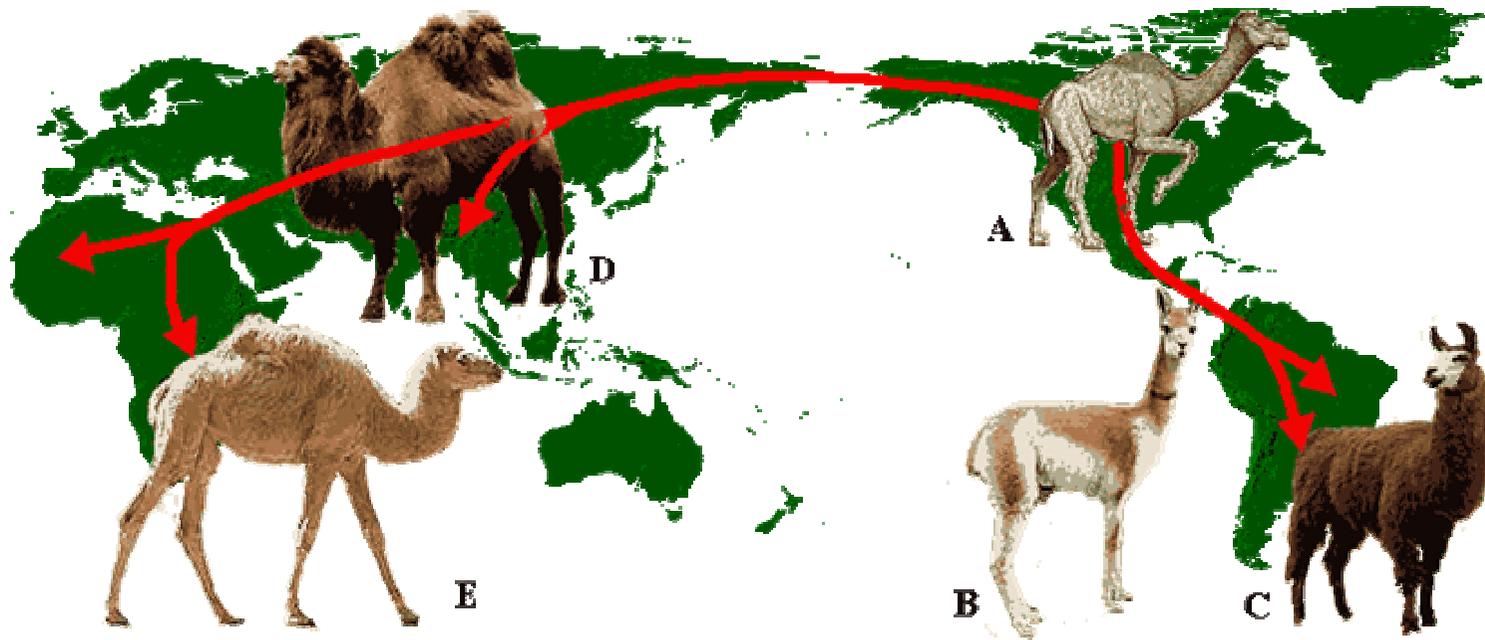
- 1- la vie sur terre est très ancienne (3,5 milliards d'années)
- 2- les êtres vivants évoluent dans le sens d'une complexité croissante
- 3- l'apparition des formes complexes n'élimine pas nécessairement celle des formes plus simples
- 4- les êtres vivants d'une époque T et ceux d'une époque T1 présentent à la fois des différences et des ressemblances

Homologie du squelette du bras de cinq vertébrés Tortue Gorille Grenouille Baleine Lamantin



le squelette des membres de divers vertébrés tétrapodes, comme le bras d'un gorille, les pattes d'une tortue et d'une grenouille, et les nageoires d'une baleine et d'un lamantin. présente des ressemblances remarquables, et bien que la forme et la fonction des membres varient énormément, ces os constituent une preuve que toutes ces espèces ont évolué à partir d'un ancêtre commun qui leur a donné en héritage la même structure squelettique de leurs membres.

Chameaux, dromadaires, vigognes et lamas se ressemblent-ils ? Répartis en 3 genres, *Camelus*, *Lama* et *Vicugna*, ces quatre espèces appartiennent toutes à une seule et même famille, les Camélidés. Étroitement apparentés, ils dérivent tous d'un ancêtre commun qui vivait il y a environ 3 millions d'années, vraisemblablement en Amérique du Nord. Les descendants de cet ancêtre ont colonisé l'Asie, en passant par l'Amérique du Nord, puis l'Afrique. Ils s'y sont adaptés et se sont diversifiés, tout en conservant bien des caractéristiques communes et des particularités propres à la famille, dont quasiment les mêmes espèces de parasites



A) Ancêtre (B) *Vicugna vicugna* (C) *Lama guanicoe* (D) *Camelus bactrianus* (E) *Camelus dromedarius*

Le poux des chameaux

Malgré les différences morphologiques et de distribution géographique entre ces mammifères, les poux qui vivent dans leur pelage sont très semblables. Les camélidés abritent donc tous les mêmes parasites, que l'on ne retrouve pas sur d'autres animaux. Leur ancêtre devait déjà être accompagné de ce parasite, qui a gardé son environnement et n'a pas ou peu évolué.



Pou du groupe *Camelus*



Pou de l'ancêtre



Pou du groupe *Lama*

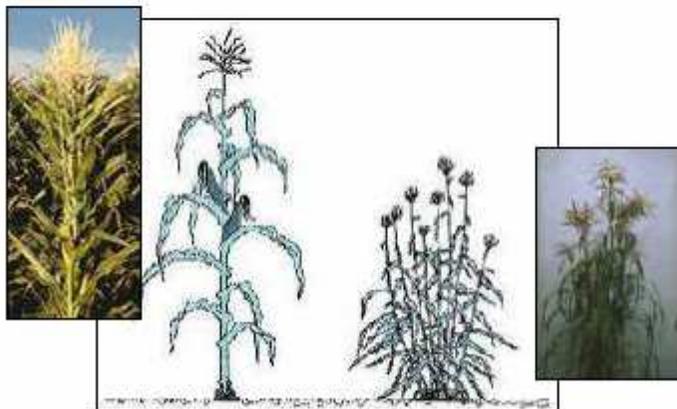
LA DOMESTICATION DES PLANTES



Fleur de téosinte



Epis de téosinte



Domestication

Différences entre le maïs cultivé et son ancêtre sauvage la téosinte

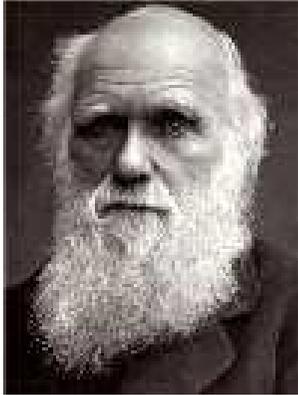
LA DOMESTICATION DES ANIMAUX



Ovis orientalis, le mouflon d'Europe (à gauche), est probablement à l'origine de nos moutons domestiques et de toutes ses variétés d'élevage que l'on trouve de part le monde,

Pour Dobzhansky, 1974

- ***l'évolution explique de nombreuses observations faites facilement, simplement et de manière très convaincante.***
- ***Elle explique tous ces faits, bien qu'ils soient très disparates, concernant les molécules, l'anatomie, l'embryologie ou la distribution géographique des espèces. C'est ce qui fait que l'évolution s'impose comme un fait indéniable.***



LE DARWINISME

Charles Darwin
(1809-1882)

Les composantes de la théorie de Darwin

- le monde vivant n'est pas immuable ; il évolue.
- toutes les espèces ont le même ancêtre commun.
- l'évolution des espèces se fait d'une manière graduelle = gradualisme phylétique
- C'est la variabilité qui existe au niveau des populations qui permet l'évolution.
- la sélection naturelle est le moteur de l'évolution.

La génétique des populations

Variabilité génétique dans les populations naturelles et rôle des pressions évolutives sur la fréquence des allèles dans ces populations : mutations, migrations, sélection et la dérive génétique)

Les mutations apparaissent au hasard, sans l'intervention du milieu

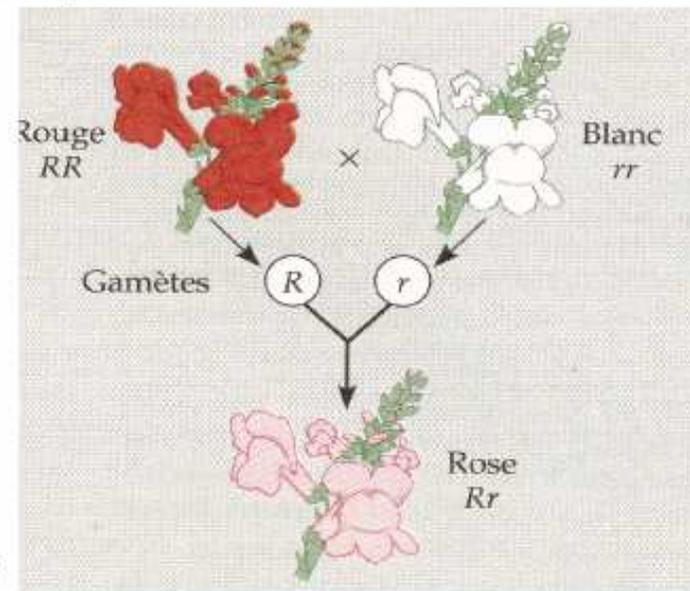
la génétique des populations

Objectif 1: Mesurer variation génétique

exple: Estimation des fréquences alléliques

Polymorphisme floral chez les Gueules-de-loup
(*Antirrhinum majus*)

Corolle rouge: RR
Corolle blanche: rr
Corolle rose: Rr



- Echantillon de 400 plantes d'une population:
Rouges, n=165; Roses, n=190; Blanches, n=45
- $P = \text{fréquence de l'allèle R dans l'échantillon} = (2 \times 165 + 190) / 800 = 0.65$
- $Q = \text{fréquence de l'allèle r dans l'échantillon} = (190 + 2 \times 45) / 800 = 0.35$
Vérification: $P + Q = 0.65 + 0.35 = 1.00$

- Hypothèses du modèle de population de **Hardy-Weinberg**

- organisme diploïde
- reproduction sexuée
- **générations non chevauchantes**
- locus considéré possède 2 allèles
- fréquences alléliques identiques chez les individus mâles et femelles
- **panmixie** p/r locus considéré
- population de très grande taille (∞)
- migration entre populations négligeable
- mutation négligeable
- sélection naturelle n'agit pas **au locus considéré**

- Formulé en 1908 indépendamment par:
 - G.H. Hardy (1877-1947): mathématicien anglais
 - W. Weinberg (1862-1937): physiologiste allemand
- Si les hypothèses du modèle de Hardy-Weinberg sont respectées, on peut **prédire** exactement les **fréquences génotypiques** à partir des **fréquences alléliques** de la population
 - Fréquences alléliques: **A** (p); **a** ($q = 1-p$)
 - Fréquences génotypiques: **AA** (P); **Aa** (Q); **aa** (R)

$$\mathbf{H-W: AA \rightarrow p^2 \quad Aa \rightarrow 2pq \quad aa \rightarrow q^2}$$

Clé: association des gamètes pour formation des zygotes = événements **indépendants** \Leftrightarrow développement du binôme:

$$(p A + q a)^2 = p^2 AA + 2pq Aa + q^2 aa$$

- Implications du principe de Hardy-Weinberg:
 - **Une seule génération** de panmixie suffit pour atteindre les fréquences génotypiques de Hardy-Weinberg (en général)
 - Selon les hypothèses du modèle de Hardy-Weinberg, les **fréquences alléliques** restent **constantes** \Leftrightarrow **absence d'évolution** au locus considéré
 \Leftrightarrow maintien du **polymorphisme génétique**

$$\text{fréq. (A): } p' = P' + Q'/2 = p^2 + 2pq/2 = p(p+q) = p$$

- Base pour élaboration de modèles + complexes: séparation en 2 phases
 - gamètes \rightarrow zygotes (fréquences génotypiques à naissance déterminées par H-W si **panmixie** \Leftrightarrow inchangé)
 - zygotes \rightarrow adultes (ajouter effet de **sélection** ou de la **migration**)
 \Leftrightarrow changement des fréquences alléliques

Application du principe de Hardy-Weinberg

- Complications liées à la **dominance**:
 - 2 **allèles**: $A \rightarrow p$ et $a \rightarrow q$
 - 2 **phénotypes**: $[A] \rightarrow P$ et $[a] \rightarrow Q$
 - 3 **génotypes**: AA , Aa , et aa

Sous l'hypothèse H-W:

- $P \rightarrow p^2 + 2pq$
- $Q \rightarrow q^2 \quad \Leftrightarrow \quad \langle q \rangle = \sqrt{Q} \quad \langle p \rangle = 1 - \langle q \rangle$
- $AA: p^2$; $Aa: 2pq$; $aa: q^2$

Test CHI2 de conformité des fréquences observées aux fréquences théorique sous l'hypothèse de la panmixie.

Génotypes	Effectifs observées	Effectifs théoriques	Chi2
RR	165	$p^2 \cdot N = 169$	0,09
Rr	190	$2pp \cdot N = 182$	1,31
Rr	45	$q^2 \cdot N = 49$	0,04
Total	N= 400	N= 400	1,43 < 3,84

$$p(R) = ((2 * RR) + Rr) / 2N = 0,65$$

$$q(r) = ((2 * rr) + Rr) / 2N = 1 - p = 0,35$$

Les écarts à la panmixie

- **Rencontre non aléatoire des génotypes et gamètes p/r phénotype:**
 - reproduction entre individus semblables phénotypiquement: **homogamie** (choix préférentiel du partenaire selon la taille, la couleur, les ornements,...)
 - reproduction entre individus phénotypiquement différents: **hétérogamie** (sexe des individus, hétérostylie et autoincompatibilité chez les plantes,...)
- **Partenaires génétiquement apparentés** ⇨ **consanguinité**
 - reproduction entre cousins germains chez l'homme
 - accouplements entre frères et sœurs chez certains insectes (Blastophage du figuier)
 - autofécondation chez certaines plantes (et mollusques) hermaphrodites
 - reproduction au sein de sous-groupes différenciés génétiquement (ethniques, géographiques)

La consanguinité

- Effet de l'**autofécondation**:
 - \searrow de **moitié** de l'hétérozygote observée à **chaque génération**
 - si H_0 = hétéroz. observée à génération initiale $t = 0$
 - $\Rightarrow H_t = (1/2)^t \times H_0$: disparition totale des hétérozygotes
 - \Rightarrow la consanguinité augmente jusqu'à son maximum

Le déficit en hétérozygote / panmixie concerne l'ensemble du génome

- **Régime mixte de reproduction**: ("mixed mating system")
 - chaque individu: proportion s des ovules **autofécondés**,
proportion $t = 1-s$ des ovules **allofécondés**
 - **La consanguinité sera partielle**

La consanguinité

- Conséquences génétiques de la consanguinité:
 - réduction de l'**hétérozygotie** \Rightarrow augmentation de l'**homozygotie**
 - Homozygotie pour des **allèles récessifs délétères** \Rightarrow expression des mutations délétères \Rightarrow **dépression de consanguinité**

La mutation dans une grande population

Cas des mutations récurrentes

- Soit u le taux de mutation de l'allèle A_1 vers A_2 (10^{-4} - 10^{-6}), et v le taux de mutation reverse (A_2 vers A_1 , généralement plus faible, 10^{-7} - 10^{-9})

- A la génération suivante:

$$p_t = p_{t-1} - up_{t-1} + v(1-p_{t-1})$$

- On définit la **pression de mutation** comme la différence de fréquences allélique due à cette force évolutive

soit $\Delta p_u = p_t - p_{t-1}$ et après remplacement:

$$\Delta p_u = -up_{t-1} + v(1-p_{t-1})$$

$$\Delta p_u = -up_{t-1} + v(1-p_{t-1})$$

- Recherche de l'équilibre: $\Delta p_u = 0 \rightarrow p^* = \frac{v}{u+v}$
Pour $u=10^{-5}$ et $v=10^{-8}$, $p^* = 10^{-3}$, perte récurrente de A_1
- Si pas de mutation reverse: **perte totale de A_1**
- Combien de temps? $p_t = (1-u)^t p_0$

Pour diminuer la fréquence de A_1 de moitié il faut

$$t = -\frac{\text{Log}(2)}{\text{Log}(1-u)} \approx \frac{0.7}{u} \text{ générations}$$

soit environ 70 000 générations pour $u = 10^{-5}$, c'est à dire environ
1.4 millions d'années chez l'homme!

La mutation

- **Source continue d'innovation génétique**
- Introduit un **flux de mutations** neutres, favorables ou délétères selon l'environnement
- Mais **force évolutive peu efficace** pour un changement des fréquences alléliques

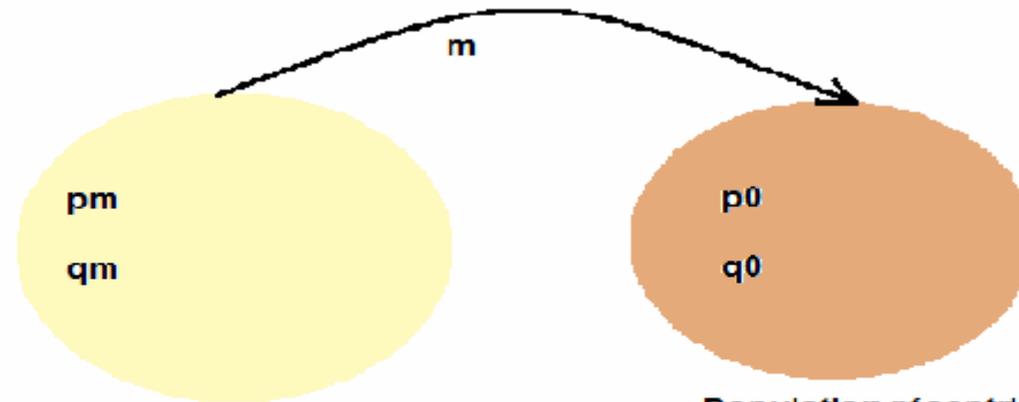
La migration

- Migration:
 - sens strict: mouvement des **organismes** entre populations
 - sens large: mouvement des **gènes** entre populations (flux de gène)
 - animaux: mouvement des **individus, des gamètes en milieu aquatique**
 - plantes: mouvement des **graines** et du **pollen**

La migration

- Modèle de migration: **Modèle "continent-île"**
 - Une grande population dont la composition génétique ne change pas
 - Une population plus petite qui reçoit des migrants à chaque génération en proportion $m = \text{taux de migration}$, qui viennent y remplacer une fraction m des gènes de la population
 - Un locus, 2 allèles A et a, en fréquences p et q sur le continent, et p_i et q_i sur l'île

G0



Population Emetrice

Population réceptrice

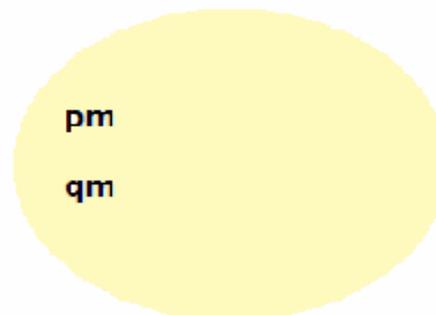


Population Emetrice

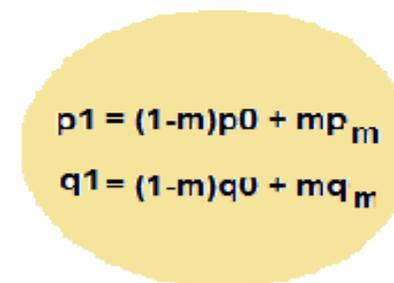


Population réceptrice

G1



Population Emetrice



Population réceptrice

- Effet de la migration dans un **modèle "continent-île"**:

- Evolution de fréquence d'un allèle A, de fréquence p_i dans la population de l'île
- Au temps t , la fréquence de A = p_{it}
- Probabilité [1 copie de gène tirée dans la pop. au temps t → allèle A]:

- copie de gène résidente: $(1-m) p_{it-1}$
- copie de gène immigrante: mp

$$p_{it} = (1-m) p_{it-1} + mp \text{ et } \Delta p_m = m(p - p_{it-1})$$

- Le changement génétique dépend de l'intensité de la migration et de l'écart entre les fréquences alléliques
- si p_{i0} = fréquence initiale de l'allèle a dans la population de l'île:

$$p_{it} = p + (1-m)^t (p_{i0} - p)$$

- $\lim_{t \rightarrow \infty} p_{it}$: $p_{it} = p \Rightarrow$ **convergence** fréq. alléliques

La migration

- Combien de temps?

$$(p_t - p_0) = (1 - m)^t (p_i - p_0)$$

Pour diminuer l'écart de fréquence de A_1 de moitié il faut

$$t = -\frac{\text{Log}(2)}{\text{Log}(1 - m)} \approx \frac{0.7}{m} \text{ générations}$$

soit environ 70 générations pour $m = 10^{-2}$,

La sélection

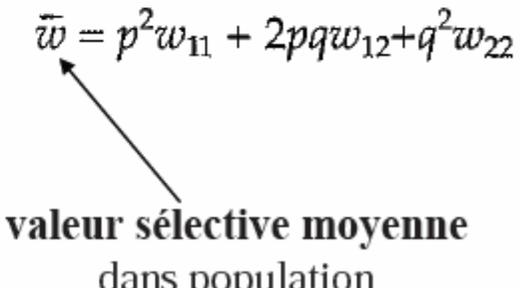
- Quantification de l'effet de la sélection :
 - effet sur la **survie**: **viabilités** différentielles
 - viabilité = probabilité qu'un individu survive depuis la fécondation jusqu'à l'âge reproducteur
 - effet sur la **capacité reproductive**: **fertilités** différentielles
 - fertilité = espérance du nombre de descendants d'un individu
 - **Valeur sélective** d'un génotype: valeur **absolue** du produit de sa viabilité par sa fertilité (ex. Valeur sélective de AA = $W_{AA} = 1.5$; $W_{aa} = 1.0$): *Darwinian fitness*
 - **Valeur sélective relative** d'un génotype: viabilité x fertilité = valeur sélective **relative** par rapport à celle d'un génotype choisi comme **référence** (ex. $w_{AA} = 1.0$; $w_{aa} = 1.00/1.50=0.67$)

Sélection chez les organismes diploïdes

- **Modèle:**

- modèle de Hardy-Weinberg avec panmixie pour un locus diallélique
- sélection agit via les phénotypes sur les 3 génotypes produits
- générations discrètes (non chevauchantes)

	Genotype			Total
Génération $t-1$	AA	Aa	aa	
Fréquence avant sélection:	p^2	$2pq$	q^2	$1 = p^2 + 2pq + q^2$
Valeur sélective relative:	w_{11}	w_{12}	w_{22}	
Après sélection:	p^2w_{11}	$2pqw_{12}$	q^2w_{22}	$\bar{w} = p^2w_{11} + 2pqw_{12} + q^2w_{22}$
Normalisation	$\frac{p^2w_{11}}{\bar{w}}$	$\frac{2pqw_{12}}{\bar{w}}$	$\frac{q^2w_{22}}{\bar{w}}$	
Génération t :				
Fréquence allélique		$p' = \frac{p^2w_{11} + pqw_{12}}{\bar{w}}$	$q' = \frac{pqw_{12} + q^2w_{22}}{\bar{w}}$	



valeur sélective moyenne
 dans population

Sélection chez les organismes diploïdes

- **Changement des fréquences alléliques:**

- fréquence de A et de a à la génération t : (p' ou p_t , q')

$$p' = p_t = \frac{p_{t-1}^2 w_{11} + p_{t-1} q_{t-1} w_{12}}{\bar{w}}, \quad q' = \frac{p_{t-1} q_{t-1} w_{12} + q_{t-1}^2 w_{22}}{\bar{w}}$$

- variation de p entre génération t et génération $t-1$: $\Delta p_s = p' - p = p_t - p_{t-1}$

$$\Delta p_s = \frac{pq[p(w_{11} - w_{12}) + q(w_{12} - w_{22})]}{\bar{w}} = \frac{pq}{2\bar{w}} \frac{d\bar{w}}{dp} \quad (\text{Wright, 1945})$$

$$\Delta q_s = -\Delta p_s$$

Sélection chez les organismes diploïdes

Les différents types de sélection:

Génotypes

AA Aa aa

1. $w_{11} \geq w_{12} \geq w_{22}$: sélection **directionnelle** en faveur de A
2. $w_{11} < w_{12} > w_{22}$: sélection en faveur de l'hétérozygote
= **superdominance**
3. $w_{11} > w_{12} < w_{22}$: sélection contre l'hétérozygote
= **sous dominance**

Dérive génétique: échantillonnage aléatoire des gamètes

Génération parentale



Génération

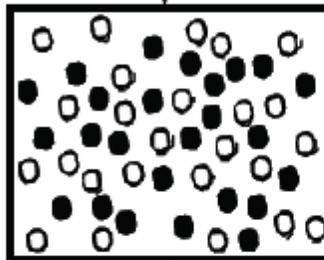
Fréquence allèle ○

0

0.50

Pool des gamètes

Les fréquences alléliques dans le pool des gamètes sont identiques à celles de la génération parentale



0.50

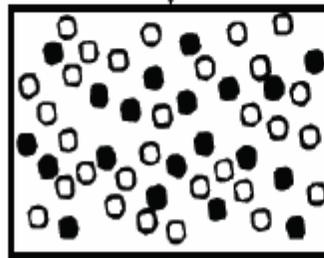
Nouvelle génération

Formée par tirage au hasard d'un échantillon de 10 gamètes

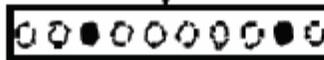


1

0.60



0.60



2

0.80

Mécanismes évolutifs: la dérive génétique

Effet de la dérive génétique sur la diversité
génétique intra-population

Effet de la dérive génétique sur la différenciation
génétique inter-populations

Effet de la dérive génétique sur la diversité génétique intra-population

- Modèle:
- Un locus, 2 allèles A et a
- Panmixie
- La fluctuation des fréquences alléliques est assimilable au résultat d'un échantillonnage de $2N$ gamètes à chaque génération
- La loi de probabilité associée est la loi binomiale $B(2N, p)$, $E[X] = p$, $V[X] = \sqrt{pq/2N}$

Effet de la dérive génétique sur la diversité génétique intra-population

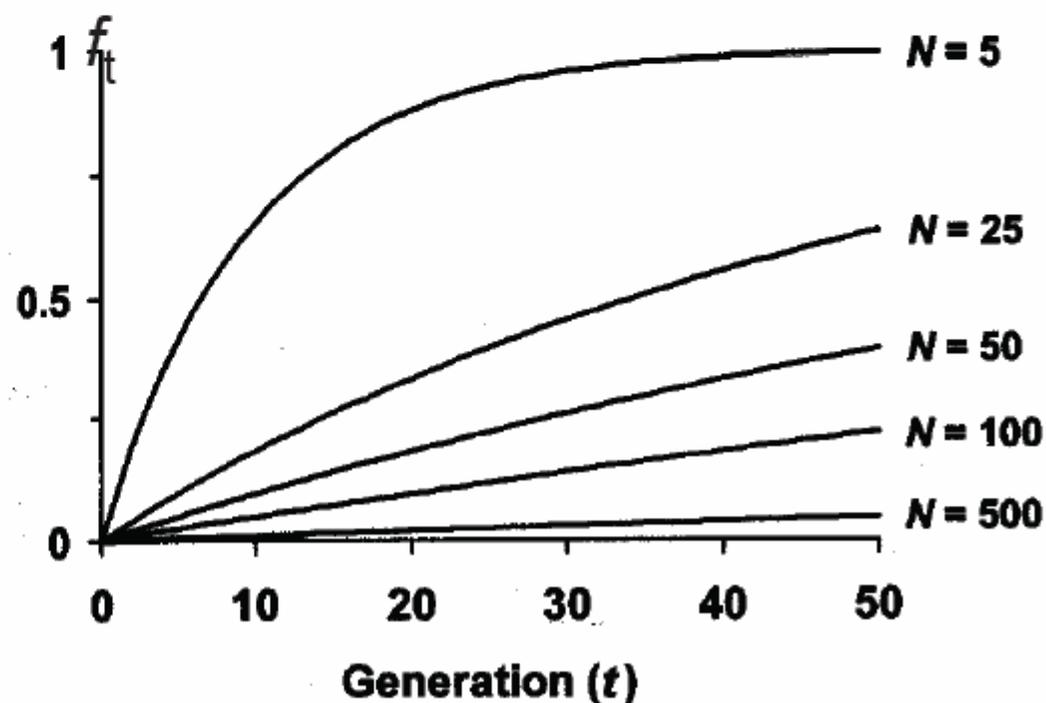
Dérive génétique \Rightarrow \searrow diversité génétique intra-population

- Variation de l'homozygotie entre 2 générations (t-1 et t):

$$f_t = (1/2N) + [1-(1/2N)]f_{t-1}$$

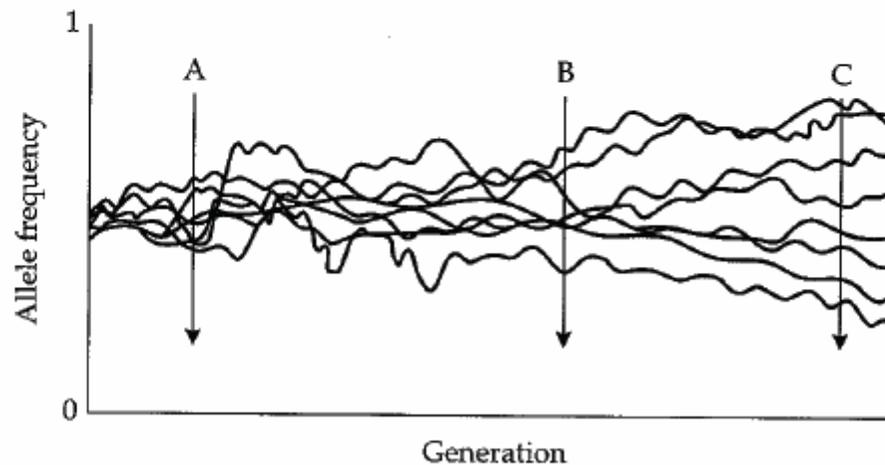
or $H_t = 1 - f_t \Rightarrow$

$$H_t = \left(1 - \frac{1}{2N}\right)H_{t-1}$$



Effet de la dérive génétique sur la différenciation génétique inter-populations

- **Dérive génétique** \Rightarrow **fluctuations aléatoires des fréquences alléliques** \Rightarrow évolution indépendante et divergente dans plusieurs populations "sœurs" \Rightarrow \nearrow différenciation inter-population



ORGANISATION DE LA VARIABILITE GENTIQUE CHEZ LES ESPECES CULTUVEES

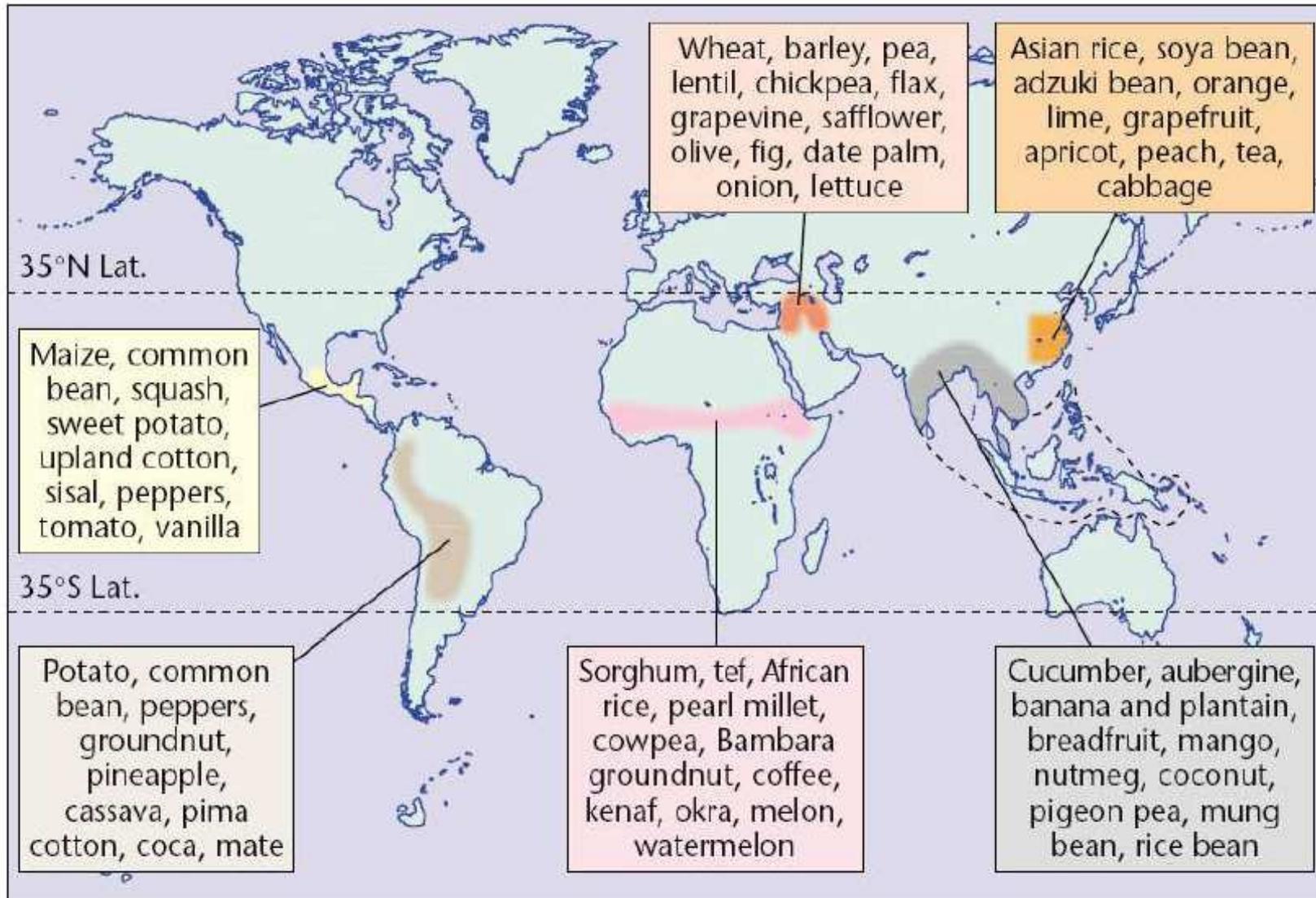
NOTION DES RESSOURCES
GENETIQUES ET
D'AMELIORATON DES
PLANTES

Structure génétique des espèces cultivées (domestiquées).

Agriculture = une invention de l'homme il y a environ 10 000 ans.

Les habitants de chaque région du monde ont trouvé à travers de nombreuses et difficiles tentatives quelques plantes utiles ou pouvaient être utiles par différents types de préparations qu'ils ont domestiqué (céréales, légumes, arbres fruitiers, etc.)

L'analyse de la distribution géographique des plantes cultivées fait apparaître clairement que la domestication des plantes a lieu indépendamment dans plusieurs régions du monde. En se basant sur la diversité des cultivars et sur la présence de l'ancêtre spontané, Harlan 1971 a décrit 8 centres de diversité qui peuvent être considérés comme des centres d'origine de la domestication.



La domestication des plantes

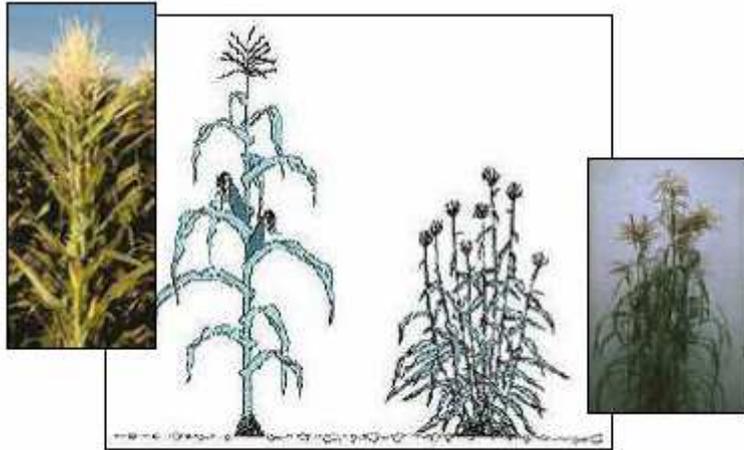
signifie l'ensemble des transformations génétiques (morphologique et physiologique) des formes spontanées de plantes pour devenir adaptées aux exigences de l'agriculture (labour, semi, désherbage, etc.).



Fleur de téosinte



Epis de téosinte



Domestication

Syndrome de domestication du Tournesol :

Tournesol sauvage

Helianthus debilis (Asteraceae)



Tournesol cultivé

Helianthus annuus (Asteraceae)



**Croisements spontanés
possibles en Europe....**

- Inflorescences petites
- Plusieurs tiges / individu (polycapule)
- Faible production de { biomasse
graines

- **Inflorescences énormes**
- **Une seule tige / individu** (monocapule)
- **Forte production de** { **biomasse**
graines

Caractéristiques des compartiments cultivés & sauvages

Espèces cultivées Sélection artificielle:

- **↘ variabilité génétique:**
 - Sélection pour traits économiques (fruits, productivité)
 - Sélection d'individus reproducteurs
- Utilisation intensive de cultivars "élites"
 - ↘ taille de la population efficace
(= *Population génétiquement uniforme*)

Espèces sauvages Sélection naturelle:

- **Haute variabilité phéno.** = Adaptation locale
↗ de la valeur sélective (longévité ; fertilité ; ...)
- *Résistance à certaines maladies endémiques*



Importance de la diversité génétique

- Amélioration des espèces cultivées
- Facilité d'adaptation rapide aux changements



Tout au long de son histoire, l'homme a été très actif dans la manipulation des espèces cultivées par des introductions ou des migrations répétées suivies de croisements naturels ou artificiels. Les aires de culture étant devenues très artificielles et souvent très étendues géographiquement, les pressions de sélection ont été très fortes. Il en est résulté une énorme variation très visible chez des formes très étroitement apparentées (différences variétales). On pourra donc trouver toute une gamme de variations morphologiques et physiologiques allant de formes identiques aux races spontanées jusqu'aux races totalement différentes. Des centaines voire des milliers de variétés traditionnelles locales peuvent être répertoriées avec différents niveaux de compatibilité génétique (possibilités de croisements naturels ou artificiels) entre elles.

Aussi, la domestication implique un changement d'adaptation écologique qui s'accompagne souvent de différenciations morphologiques et parfois d'isolement reproductif

L'analyse de la distribution géographique des plantes cultivées montre aussi que leur variation n'est pas distribuée aléatoirement mais liée à leur histoire évolutive. On peut définir plusieurs zones à l'intérieur de l'aire de répartition de l'espèce cultivée :

- zone d'origine : celle où l'espèce végétale est présente, ainsi que des espèces sauvages voisins (généralement lieu de domestication)
- zone de diversification : celle où de nombreuses formes ont été sélectionnées à partir du premier type domestiqué.
- zone d'introduction : installation d'une plante hors de son aire d'origine

Etant donnée cette diversité et afin de fournir une base génétique à la classification des plantes cultivées, de Wet (1971) a proposé les trois catégories informelles suivantes :

+ Le pool génétique primaire : unité génétique de base : correspond au concept traditionnel de l'espèce biologique. Il peut être divisée en unités infraspécifiques qui servent surtout à réaliser un regroupement utile des différentes formes morpho physiologiques (pas de sens génétique). Les catégories infraspécifiques proposées sont :

- La sous-espèce ou race : identité morphologique reconnaissable (race cultivée, race spontanée, ...). La race doit renseigner sur la morphologie et sur la distribution de la plante.

- La variété : identifiable par des caractéristiques morphologiques et physiologiques spécifiques. On distingue le cultivar qui correspond à une variété traditionnelle polymorphe entretenue par les agriculteurs et identifiable par des caractéristiques morphologiques et physiologiques spécifiques et les variétés améliorées issues de la sélection artificielle de génotypes plus ou moins homogènes à partir du cultivars (les lignées pures, les hybrides, les clones, les variétés populations, ...).

+ Le pool génétique secondaire : il regroupe des espèces biologiques qui pourrait se croiser à la plante cultivée, moyennant la rupture des mécanismes d'isolement reproductifs. Ce pool génétique peut être utile pour élargir les bases génétiques d'une espèce donnée.

+ Le pool génétique tertiaire. Le transfert des gènes entre ces espèces et l'espèce cultivée est impossible par les voies classiques. Des mesures radicales sont nécessaires (techniques in vitro, fusions de protoplastes, etc.) pour réussir les croisements.

1.3. La biologie de la conservation

- **Nouvelle** discipline scientifique:
 - activités de conservation de la nature
 - conservation des ressources génétiques d'espèces domestiquées (collections de germoplasme)
 - intègre **concepts théoriques** de l'écologie et génétique des populations (dynamique des populations; effets génétiques de la consanguinité;...)
 - intègre **technologies moléculaires**
 - intègre notions de **rentabilité économique**
 - dispose de revues scientifiques spécifiques: *Conservation Biology, Biological Conservation, Conservation Genetics*

LA CONSERVATION DES RESSOURCES GÉNÉTIQUE DES PLANTES :

L'ensemble de la variabilité génétique susceptible d'être utilisée par une espèce est appelée ses ressources génétiques.

- **- Les modalités de conservation des Ressources Génétiques**

Les ressources génétiques peuvent être conservées dans leur milieu naturel (conservation in situ) ou en dehors de leur habitat d'origine, de manière statique (conservation ex situ) ou dynamique.

- **1- Conservation in situ**

Les ressources génétiques d'espèces sauvages se conservent de préférence dans leur milieu naturel. Par exemple, pour certaines espèces forestières, des populations d'arbres sont gérées en placettes dans des forêts. Ce mode de gestion permet de maintenir les potentialités d'adaptation et d'évolution, face aux variations du milieu.

Pour les espèces d'intérêt agricole et alimentaire, la gestion in situ est surtout utilisée pour les espèces sauvages apparentées aux espèces cultivées (choux, betteraves, carottes...) et les espèces fourragères des prairies.

- **2- Conservation ex situ**

La plupart des espèces cultivées sélectionnées depuis longtemps sont homogènes. Leurs ressources génétiques peuvent être alors conservées de manière stable en dehors de leur habitat d'origine:

- * sous forme de semences — par exemple, grains de blé de différentes lignées;

- * sous forme d'organes ou de plants in vitro — par exemple, méristèmes de caféier en tubes;

- * sous forme de plantes rassemblées en collection conservatoire au champ - par exemple, verger de pommiers.

On parle alors de conservation ex situ.

- **3- Conservation dynamique**

Pendant des millénaires, les agriculteurs ont utilisé leurs propres semences, ou celles de leurs voisins. Leurs variétés évoluaient ainsi en permanence. Cette conservation à la ferme perdure dans certaines régions du monde.

Pour certaines espèces sélectionnées, on peut recréer des situations analogues en soumettant des populations composites à des pressions de sélection proches de celles de leurs milieux naturels. On parle de gestion dynamique, l'objectif étant de conserver la capacité de l'espèce à évoluer dans le temps et à s'adapter aux variations du milieu. Plusieurs expériences pilotes sont développées aujourd'hui dans ce sens. Par exemple en France, dont une sur le blé tendre initiée depuis quinze ans.

- LES MÉTHODES D'ÉVALUATION DE LA DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE

L'analyse de la diversité génétique est fondamentale à la fois pour la compréhension de l'évolution des espèces cultivées que pour l'orientation des prospections pour la collecte des échantillons que pour l'utilisation de la variabilité disponible en sélection végétale. Les ressemblances et les différences entre individus peuvent être sous la dépendance de facteurs génétiques, de facteurs du milieu ou des deux à la fois. L'évaluation de la diversité génétique peut répondre à deux objectifs principaux qui nécessitent des approches différentes :

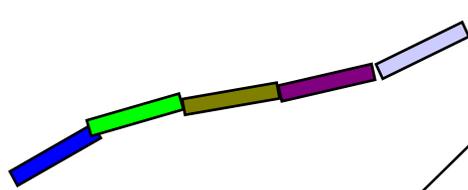
établir des distances génétiques pour évaluer le degré de ressemblance des différents constituants du pool génétique de l'espèce et apprécier leur variabilité cachée susceptible d'être utile à long terme : c'est principalement l'objet de l'analyse du polymorphisme des molécules d'ADN (marqueurs génétiques).

noter les caractéristiques sensibles aux modifications de l'environnement (par exemple, rendement en fruits, sensibilité à la sécheresse, résistance aux parasites) et susceptibles d'être plus ou moins utilisables à court terme. L'évaluation de la diversité se fait par les méthodes d'analyse génétique quantitative.

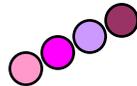
Niveaux d'analyse de la variation

GENOTYPE

Polymorphisme ADN



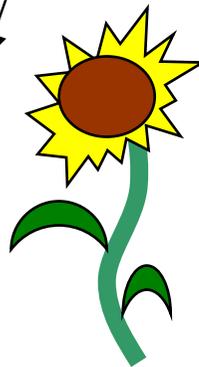
Polymorphisme PROTEIQUE



Variations CHROMOSOMIQUES



Caractère simple



Caractère complexe

PHENOTYPE

Variations

- morphologiques,
- éthologiques
- physiologiques,

**Pour décrire un génotype
=> plus de ' marqueurs phénotypiques '**

I- Evaluation de la diversité génétique par les méthodes de la biologie moléculaire

- Voir avec Monsieur Baaziz