

# Implications potentielles de l'utilisation de l'information génétique numérique<sup>1</sup> sur les ressources génétiques sur les trois objectifs de la Convention sur la diversité biologique

Document soumis par le CGIAR au Secrétariat de la Convention sur la diversité biologique<sup>1</sup>

---

## Résumé

Le Secrétariat de la CDB a invité les organisations compétentes et les parties prenantes « à communiquer des points de vue et des informations pertinentes sur l'utilisation de l'information génétique numérique sur les ressources génétiques susceptible de concerner les trois objectifs de la Convention ». Le CGIAR conduit une recherche stratégique visant le développement de l'agriculture pour assurer la sécurité alimentaire. Sa mission a pour objet de bénéficier aux petits agriculteurs dans les pays en développement. Les expériences du CGIAR acquises à ce jour confirment que les données numériques de séquences génomiques<sup>2</sup> peuvent jouer un rôle important dans la gestion et l'exploitation durable de la diversité biologique et dans le partage des avantages découlant de l'utilisation de cette diversité. Pour ce qui est de la préservation, des données numériques de séquences génomiques ont été utilisées pour évaluer la diversité génétique de collections *ex situ* et pour identifier le germoplasme unique qui se trouve dans les champs des agriculteurs et qui manque dans les collections *ex situ* ; cette information de base est essentielle pour pouvoir élaborer des stratégies de préservation *ex situ* et *in situ* efficaces. Pour ce qui est de l'exploitation durable, l'information sur les séquences génomiques, conjuguée aux données phénotypiques et autres données peut être utilisée pour identifier des géotypes bien adaptés aux différentes conditions agroécologiques changeantes. Intégrée dans les programmes de sélection végétale, l'information sur les séquences génomiques s'avère de plus en plus utile dans l'obtention d'utilisations plus rationnelles de la diversité génétique dans l'agriculture durable. L'avantage à partager le plus important découlant de l'utilisation de l'information sur les séquences génomiques dans la recherche et

---

<sup>1</sup> La terminologie doit faire l'objet d'un nouvel examen dans le cadre de l'étude et au sein du groupe d'experts.

<sup>2</sup> Par « séquence génomique » on entend les séquences dérivées de l'ADN et de l'ARN. Elle inclue les lectures courtes et longues et tous les marqueurs moléculaires dérivés tels que les polymorphismes à nucléotide simple (SNP en anglais).

le développement agricole et la sélection végétale est qu'elle permet d'améliorer la sécurité alimentaire et les moyens de subsistance. Parmi les autres avantages non monétaires résultant de l'exploitation de l'information sur les séquences génomiques par les Centres du CGIAR, citons le meilleur accès des agriculteurs aux technologies, le renforcement des capacités institutionnelles des organismes de recherche des pays en développement, le partage des résultats de recherche ainsi que le développement économique local et régional. Les avantages monétaires liés à l'exploitation des RPGAA par les Centres sont en grande partie soumis au système multilatéral d'accès et de partage des avantages du Traité international sur les ressources phytogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture (TI-RPGAA). Le système multilatéral régleme l'accès aux ressources génétiques, mais pas celui aux informations sur les séquences génétiques. Une des options actuellement à l'étude pour réviser le système multilatéral consisterait à introduire un système de souscription. Cette souscription pourrait conduire à supprimer la distinction entre l'accès et l'utilisation des ressources génétiques et l'information génomique, puisque le partage des avantages reposerait sur le total des ventes de semences. Ceci permettrait de mettre en évidence les avantages qui découlent de l'accès et de l'utilisation des ressources génétiques et de l'information sur les séquences génomiques pour les utilisateurs commerciaux.

Les capacités technologiques de générer de l'information sur les séquences génomiques connues sous le nom de technologies de séquençage de nouvelle ou de prochaine génération ont évolué plus rapidement que celles qui permettent d'exploiter ces données. Comme les investissements dans la production initiale de séquences génomiques sont relativement faibles, il importe d'investir plus dans l'analyse génomique comparative, dans la connexion de la variabilité génétique à des traits phénotypiques utiles ou à la performance, dans l'optimisation de ces traits, et à terme dans la mise au point de nouvelles variétés pour l'homologation et l'utilisation dans les champs des agriculteurs.

Les expériences acquises par le CGIAR dans la génération et l'utilisation des séquences génomiques sont relativement récentes même si nous avons fait bien des progrès dans l'analyse des collections de germoplasme. L'information sur les séquences génomiques devrait jouer un rôle accru dans les programmes de préservation des ressources génétiques et de sélection menés par le CGIAR. Elle permettra de créer des avantages pour les agriculteurs démunis de ressources dans les pays en développement. Le CGIAR souligne l'importance du renforcement des capacités des organisations chargées de RDI dans les pays en développement afin qu'elles puissent générer et utiliser l'information sur les séquences génomiques dans le cadre de leurs propres programmes de préservation et d'amélioration des espèces cultivées, et participer à des programmes de recherche et développement coordonnés à l'échelle internationale et ce, sur un pied d'égalité. Le CGIAR a, entre autres, pour mission de fournir à des partenaires nationaux dans les pays en développement les moyens de tirer avantage de ces technologies, mais aussi d'autres technologies en pleine mutation, potentiellement révolutionnaires. Pour ce faire, les Centres du CGIAR dispensent des formations et favorisent le transfert de technologies aux scientifiques dans les pays en développement de manière à ce que les données de séquences numériques puissent profiter à tous.

## 1. Introduction

Ce rapport est présenté par le CGIAR en réponse à l'invitation du Secrétariat de la CDB formulée à l'encontre des organisations compétentes et des parties prenantes « à communiquer des points de vue et des informations pertinentes sur l'information génétique numérique sur les ressources génétiques susceptible de concerner les trois objectifs de la Convention ».

### **CGIAR**

Le CGIAR est un partenariat mondial de recherche agricole qui s'emploie à assurer la sécurité alimentaire. Les activités scientifiques du CGIAR sont axées sur la réduction de la pauvreté, l'amélioration de la sécurité alimentaire et nutritionnelle, des ressources naturelles et des services écosystémiques. Menées au travers de 15 centres, en étroite collaboration avec des centaines de partenaires, les activités de recherche du CGIAR impliquent des instituts de recherche nationaux et régionaux, des organisations de la société civile, des académies, des organisations de développement ainsi que le secteur privé. Notre mission consiste à faire avancer les sciences et l'innovation agricoles de manière à donner aux pauvres et notamment aux femmes la possibilité de mieux nourrir leur famille et d'améliorer leur productivité et leur résilience pour que les personnes affectées puissent partager leur croissance économique et gérer les ressources naturelles face au changement climatique et autres défis. Du point de vue géographique, la RDI menée par le CGIAR se concentre sur les pays et les régions en développement.

Vu la nature de notre mission, de nos réseaux et de notre mode opératoire, les expériences que nous avons acquises dans l'utilisation des données de séquences génétiques portent surtout sur la préservation et l'exploitation durable de la diversité biologique agricole et le partage des avantages découlant de l'utilisation des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture. Même si les Centres du CGIAR ont quelques expériences dans la génération et l'utilisation de données de séquences génétiques des animaux et des poissons, nous préférons nous concentrer dans le présent document sur les implications de la génération et de l'utilisation des données de séquences découlant des ressources phytogénétiques

### **Objectifs de la Convention sur la diversité biologique**

La CDB a trois objectifs tels que définis dans l'article premier :

- (1) la conservation de la diversité biologique,
- (2) l'utilisation durable de ses éléments, et
- (3) le partage juste et équitable des avantages découlant de l'utilisation des ressources génétiques.

Après cette introduction, le reste du rapport se divise en trois sections séparées portant sur la contribution actuelle et potentielle des données de séquences génétiques dans la réalisation de ces objectifs.

## **Diversité biologique agricole et ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture**

Selon la Conférence des Parties à la Convention sur la diversité biologique (CDB) la biodiversité agricole comprend « toutes les composantes de la diversité biologique constituant les (...) agro-écosystèmes : la variété et la variabilité des animaux, des plantes et des micro-organismes, aux niveaux génétique, des espèces et des écosystèmes, qui sont nécessaires au maintien des fonctions clés de l'agro-écosystème, à sa structure et à ses processus ». <sup>3</sup>

La quasi-totalité des travaux menés par les Centres du CGIAR est axée sur la génération et l'utilisation de données de séquences génétiques pour préserver et utiliser de manière durable la diversité génétique intraspécifique et partager les avantages découlant de ces utilisations.

### **Qu'est-ce qu'on entend par « informations sur les séquences génétiques » (en termes très généraux) et pourquoi celles-ci sont-elles utiles ?**

Les constituants de base de vie de tout organisme vivant sur terre sont encodés dans son ADN. Les séquences d'ADN sont uniques d'un organisme à un autre. Ces séquences peuvent contribuer à la classification taxinomique, à l'identification des gènes uniques, à l'identification des combinaisons de gènes qui encodent des traits précieux pour la production durable de denrées alimentaires dans un environnement en évolution constante. Même si les séquences pangénomiques sont de plus en plus accessibles, l'utilisation de ces informations pour créer des avantages est toujours bien en deçà de la technologie permettant de générer des données de séquences. Actuellement, des marqueurs génétiques, de minuscules segments d'ADN dispersés à travers le génome sont déployés avec succès pour génotyper les individus et pour identifier avec un certain succès les individus dans les programmes de sélection qui contiennent des traits d'importance en termes d'agronomie. Dans les programmes de préservation des ressources génétiques, le génotypage est un outil fort utile pour déterminer les lacunes des collections et, à l'avenir, pour assurer la préservation ainsi qu'une utilisation plus rationnelle d'une précieuse diversité génétique unique. Pour les programmes liés à la conservation *in situ*, mais aussi pour les communautés autochtones, les empreintes génétiques uniques des variétés de culture existantes peuvent être utilisées pour établir des données de base pour les travaux à venir visant la préservation ou la prévention de la perte des variétés détenues par des agriculteurs ainsi que pour documenter l'impact de la diversité dans les champs des agriculteurs avec différentes méthodologies d'intervention y compris la réintroduction de variétés natives conservées *ex situ* ayant disparu à l'échelon local.

Les variétés (variétés des agriculteurs, variétés sélectionnées ou ancêtres sauvages) représentent des combinaisons de séquences génétiques qui étaient les traits de chaque variété particulière en interaction

---

<sup>3</sup> Conférence des Parties à la Convention sur la diversité biologique. Décision V/5 Annexe : *Diversité biologique agricole : examen de la première phase du programme de travail et adoption d'un programme de travail pluriannuel*. CDB : Montréal, 2000.

avec l'environnement dans lequel la variété est cultivée. Même si une variété est unique en son genre, les séquences génétiques individuelles (p. ex. codification de variété précoce ou tardive) peuvent être exprimées de la même manière dans beaucoup de variétés différentes. Le contraire peut également se produire : le même trait, p. ex. la précocité peut également être sous le contrôle de différentes séquences dans différentes variétés. L'expression de chaque gène donné peut être largement influencée par l'environnement. La spécificité d'une variété provient de la combinaison de ces séquences génétiques et de l'influence de l'environnement. Chez une variété particulière, la combinaison résulte de centaines voire de milliers d'années de sélection aléatoire, environnementale, d'une sélection pratiquée par des agriculteurs ou des obtenteurs.

L'information numérique génétique permet :

- aux gestionnaires de banques de gènes d'évaluer et de quantifier à sa juste mesure le degré de variabilité (polymorphisme) parmi les individus d'un paquet de semences ou entre plusieurs accessions de banque de gènes. Cela peut assurer le contrôle de qualité ainsi que la bonne maintenance, la distribution et l'utilisation des banques phytogénétiques ;
- aux scientifiques spécialisés dans les espèces cultivées d'obtenir l'information génétique de base requise pour pouvoir comparer les génotypes *ex situ* avec la diversité maintenue par les agriculteurs dans des conditions *in situ*, pour améliorer l'appréhension de la diversité présente dans ces espèces cultivées et ces animaux domestiqués et pour faire l'inventaire de ce qui existe et de ce qui manque dans les banques de gènes ou dans les paysages communautaires ;
- aux sélectionneurs de saisir et d'utiliser la diversité qui existe pour pouvoir développer des stratégies de sélection plus efficaces et atteindre les objectifs en termes de gain génétique ;
- aux pays membres, aux communautés locales et aux peuples autochtones de mieux quantifier et de procéder à l'analyse d'empreinte de la diversité qu'ils détiennent *in situ*, en identifiant la diversité qui est la plus menacée ainsi que la diversité qui est unique ou qui est utilisée par la communauté ou dans les champs des agriculteurs ;
- aux gouvernements d'élaborer, en partenariat avec les agriculteurs et autres gestionnaires de ressources naturelles (hommes et femmes confondus) des priorités en matière de préservation pour maintenir la diversité, suivre les populations *in situ* au niveau génétique ainsi que pour comprendre comment les populations répondent aux changements de température, de l'eau, des engrais, des nutriments, du mode de gestion, etc.

Même si les données de séquences génétiques sont un outil puissant, elles ne sont pas une panacée et elles ne peuvent pas non plus être utilisées de manière isolée. Il convient de les combiner avec d'autres technologies. Certes, l'obtention de grandes quantités de données devient de moins en moins chère, mais il n'y a pas suffisamment d'outils pour rassembler ces données sous une forme globale et utilisable pour

renforcer le gain génétique<sup>4</sup> chez la plupart des espèces cultivées, le bétail et les poissons, ni dans l'hémisphère nord ni dans l'hémisphère sud. En tant que leaders et membres de consortiums plus larges, les Centres du CGIAR sont impliqués à des niveaux différents dans le séquençage pangénomique ou le séquençage à haute densité et le génotypage d'espèces cultivées (y compris la banane, le manioc, le pois chiche, le pois de vache, l'arachide, le millet, le maïs, le pois cajan, la pomme de terre, le riz, le sorgho, la patate douce, le blé et l'igname).

Même si le séquençage du génome et l'empreinte génétique permettent de faire la distinction entre « ce qui est identique » et « ce qui diffère » du point de vue génétique, le développement de ces outils est entravé par le fait qu'il y a un manque de données (de phénotypage) morphologiques complémentaires. Or celles-ci sont nécessaires pour pouvoir interpréter pleinement les données de séquences numériques. La plupart des traits sont soumis à un contrôle génétique complexe comprenant de multiples formes de familles de gènes en interaction en réseau. Par conséquent, il est difficile de comprendre un scénario de cause à effet pour un gène donné par rapport à un trait donné. Par exemple, la tolérance à la sécheresse d'une espèce cultivée dépendra de l'anatomie et de l'architecture des racines, des feuilles et des tiges de cette espèce, mais aussi de l'avancement de la plante dans son cycle de vie par rapport au développement de la sécheresse, ainsi que de certaines qualités difficiles à mesurer telles que la capacité photosynthétique, la capacité respiratoire et les autres capacités biochimiques et physiologiques de la plante (p. ex. la chute des feuilles). Aucun de ces mécanismes liés à la tolérance à la sécheresse n'est simple et il n'y a pas de gène particulier pour répondre à la sécheresse. La situation est la même pour les animaux : les traits clefs du bétail tels que le poids au sevrage, la tolérance à la chaleur et aux maladies dépendent de multiples caractéristiques régulées par des myriades de gènes. Les Centres du CGIAR et ses partenaires acquièrent actuellement de l'expérience dans l'usage du phénotypage à haut débit. Cependant, l'opération est onéreuse et requiert des investissements importants en expertise et en ressources.

En résumé, on peut dire que les données de séquences d'ADN en elles-mêmes sont de valeur restreinte, même si leur valeur incrémentale est considérable. Les outils et méthodes actuellement développés devraient permettre une meilleure exploitation de ces données. Les séquences pangénomiques peuvent fournir des informations précieuses. Cependant, les marqueurs d'ADN sont présentement beaucoup plus utilisés pour le génotypage et les tests visant l'appréhension de traits de base génétiques. Ces marqueurs permettent d'accélérer la sélection et les gains génétiques et ce, à l'échelle du globe. Dans les pays en

---

<sup>4</sup> Par « gain génétique » on entend l'augmentation de la performance de traits d'intérêt d'individus sélectionnés soumis aux programmes d'amélioration génétique, entre la première et la deuxième génération originale, lorsqu'elles sont comparées dans le même environnement.

développement, beaucoup de programmes de sélection ont recours à ces approches pour permettre une sélection rapide des variétés ainsi que des sélections avec des traits importants pour elles.

## 2. Contribution des informations sur les séquences génétiques dans la préservation de la diversité biologique

Pour ce qui est de la préservation, les principales obligations des parties contractantes sont définies dans les articles 8 de la CDB (« conservation *in situ* »), 9 (« conservation *ex situ* ») et 7 (« identification et surveillance en liaison avec la conservation et l'utilisation durable »).<sup>5</sup>

En 2010, la Conférence des Parties à la CDB a adopté les objectifs Aichi. L'objectif 13 stipule ce qui suit : « D'ici à 2020, la diversité génétique des plantes cultivées, des animaux d'élevage et domestiques et des parents pauvres, y compris celle d'autres espèces qui ont une valeur socio-économique ou culturelle, est préservée, et des stratégies sont élaborées et mises en œuvre pour réduire au minimum l'érosion génétique et sauvegarder leur diversité génétique ».

Un des défis liés à la réalisation de l'objectif 13 est l'identification et la quantification de la diversité génétique qui requiert une maintenance. Pendant longtemps, les gestionnaires des collections *ex situ* ont essayé de définir la diversité des espèces cultivées qu'ils détiennent de manière à identifier et à préserver les lacunes importantes (diversité manquante) dans les collections. La caractérisation de la diversité trouvée *in situ*, et pour les espèces cultivées et pour le bétail, est également considérée comme l'un des principaux objectifs poursuivis par les différents acteurs impliqués dans la préservation de la diversité agricole. La caractérisation reste un objectif difficile à atteindre malgré le travail qui a été accompli dans l'élaboration de méthodes de séquençage de l'ADN. L'objectif pourra néanmoins être atteint lorsqu'il sera possible de séquencer des collections *ex situ* entières et des échantillons représentatifs de la diversité *in situ*. Dans le passé, les descripteurs morphologiques ont été utilisés pour caractériser les collections *ex situ* et distinguer les différences génétiques d'une adhésion à l'autre. Ce système fonctionne et il est toujours considéré comme le moyen privilégié pour classer les collections *ex situ*. La même approche est appliquée à l'étude des espèces cultivées et des populations animales *in situ*. Toutefois, ces marqueurs ont montré leurs limites lorsqu'il s'agit d'identifier des variétés certes étroitement apparentées, mais génétiquement distinctes et de définir l'étendue de la diversité génétique qui existe au sein des races primitives de certaines espèces cultivées ou d'animaux domestiques, mais aussi entre elles. La caractérisation de la diversité génétique à l'aide de descripteurs morphologiques risque d'être faussée à cause de l'étendue de la plasticité environnementale de ces caractères morphologiques. Pour caractériser la diversité et analyser l'ampleur de la diversité *in situ*, les données de séquences d'ADN constituent les meilleurs outils disponibles, à condition de pouvoir accéder à des volumes suffisamment grands. Elles

---

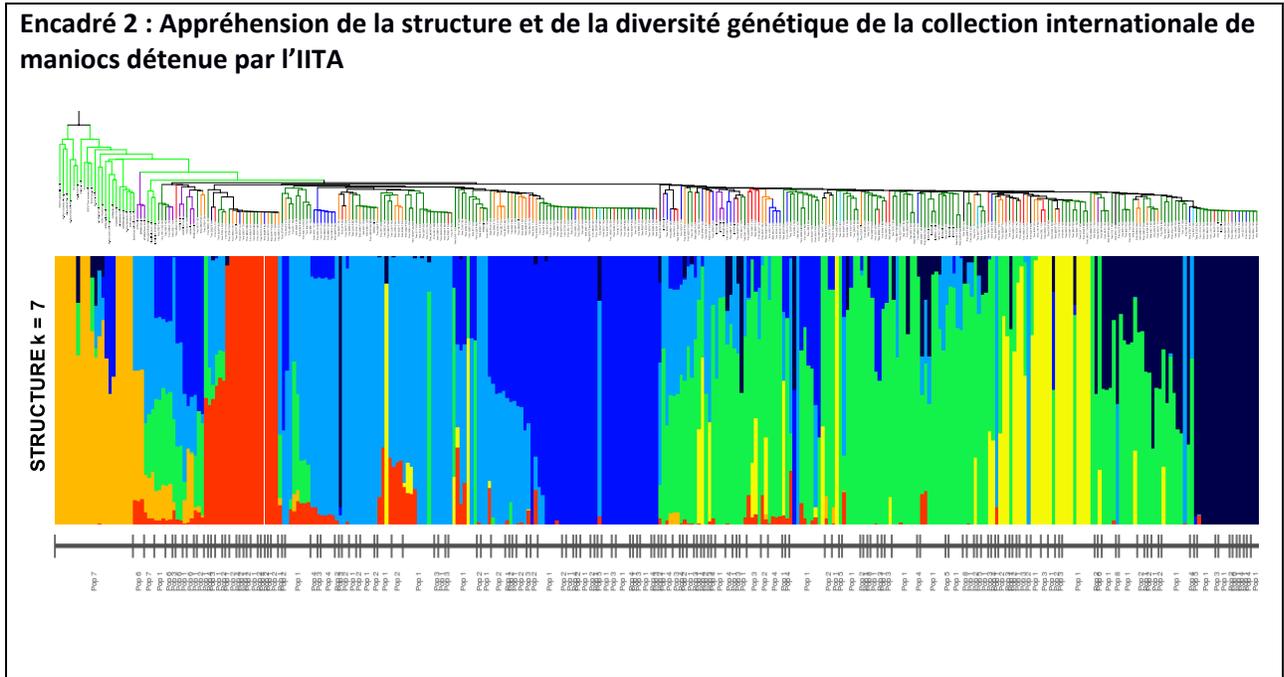
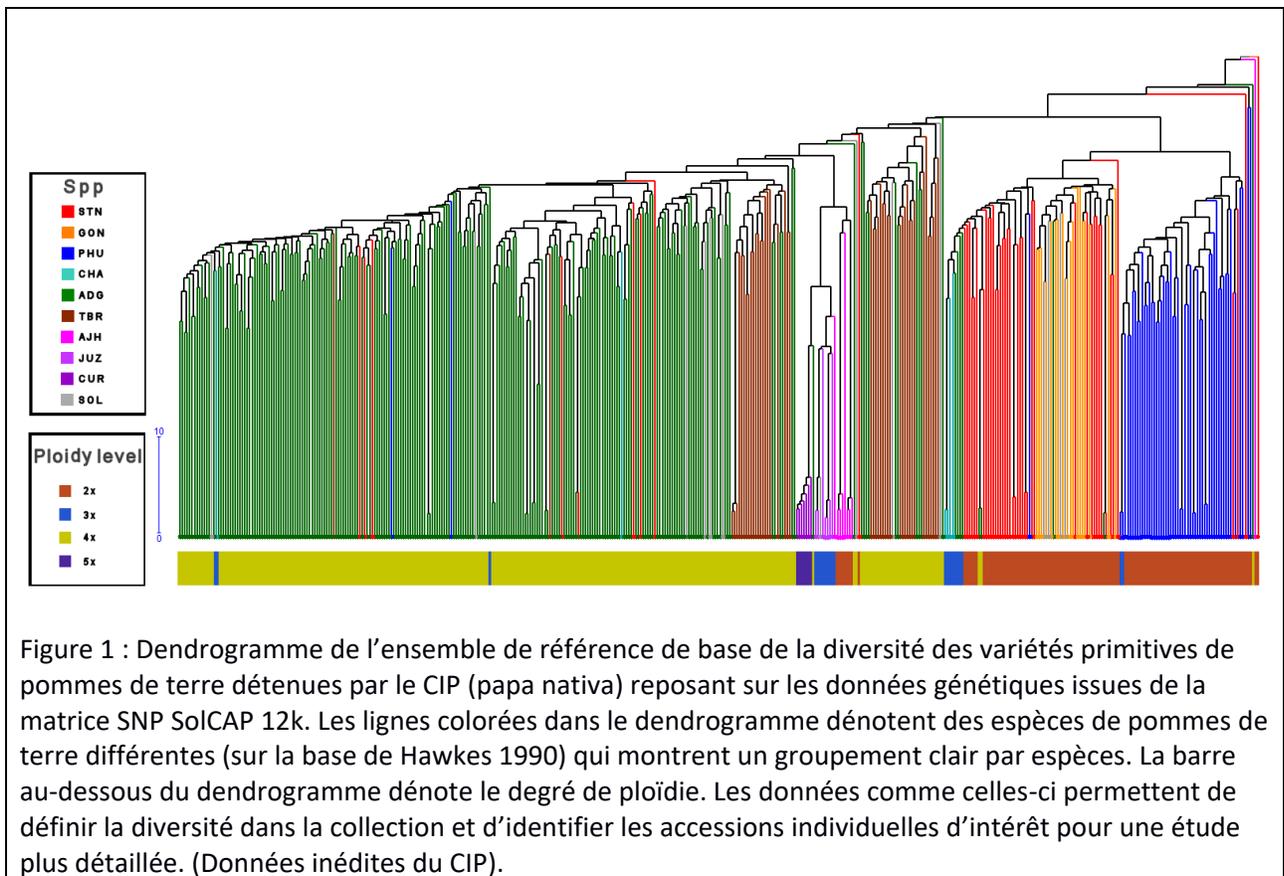
<sup>5</sup> L'annexe 1 fournit une liste des composantes de diversité biologique qui devraient être suivies, au niveau de l'habitat, des espèces et du point de vue génétique. Le paragraphe 3 stipule : « Génomes et gènes décrits revêtant une importance sociale, scientifique ou économique ».

contribuent également à la préservation à long terme d'un maximum de diversité de sorte que tous les éléments de la diversité présents dans chaque espèce végétale ou animale peuvent être préservés à long terme pour l'humanité. Ainsi, les données de séquences d'ADN sont un moyen puissant et parfois c'est d'ailleurs le seul outil qui permet aux gestionnaires de banques de gènes, aux organisations agricoles nationales, aux entreprises, aux communautés autochtones et aux chercheurs d'atteindre pleinement cet objectif d'Aichi et de quantifier la diversité présente, *in situ* et *ex situ*, pour ce qui est des principales espèces végétales et animales domestiquées.

Depuis sa création, le CGIAR a investi dans la préservation de la diversité biologique agricole *ex situ* et dans l'exploitation durable de cette ressource pour remplir sa mission. Le manque de connaissance de la diversité génétique constitue un goulot d'étranglement et c'est la raison pour laquelle le CGIAR s'est mis au pas des nouvelles technologies pour pouvoir mieux caractériser la diversité des espèces cultivées, comprendre les liens entre les entrées conservées, identifier et combler les lacunes que présentent les collections *ex situ* détenues par ses centres à l'échelle du globe pour la communauté internationale. L'encadré 1 présente un exemple de l'expérience du CIP dans la caractérisation génétique d'un ensemble de races primitives de pomme de terre issu de la génothèque *ex situ*. Des études comme celle-ci mettent en évidence les liens de parenté des différentes espèces au sein des collections *ex situ* et peuvent être utilisées pour l'identification d'allèles novateurs qui ne sont pas conservés *ex situ* lorsque le génotypage similaire est exécuté *in situ*. L'encadré 2 présente la structure génétique des accessions détenues par l'IITA dans sa collection *ex situ* de manioc.

**Encadré 1 : Accessions de génotypes du CIP pour comprendre la structure génétique de la collection *ex situ* de patates douces**

Traditionnellement, les agriculteurs péruviens cultivaient entre 20 et 40 races primitives de pommes de terre. Cette diversité leur permettait de faire face aux éventualités. En effet, certaines races primitives produisent une plante même durant les années difficiles, ce qui permet aux agriculteurs de survivre jusqu'à la prochaine récolte. Ces dernières décennies, certaines communautés ont réduit progressivement la culture de nombreuses variétés de pommes de terre, de sorte que beaucoup de familles ne plantent plus qu'une dizaine de variétés. Le CIP mène un programme pour que ces variétés de races primitives qui sont collectées dans ces régions soient restituées ou rapatriées de manière à constituer des systèmes de sauvegarde pour que les communautés autochtones puissent poursuivre leurs pratiques traditionnelles en matière de culture là où la diversité joue un rôle crucial dans la durabilité à long terme. Le défi lié à ce travail de restauration est que nous ignorons l'étendue qu'avait cette diversité il y a 50 ou 100 ans voire même la diversité qui existe actuellement dans la génothèque *ex situ*. En conséquence, la génothèque du CIP a récemment procédé au génotypage de l'ensemble de sa collection de races primitives de pomme de terre et de patate douce, posant ainsi le fondement de l'évaluation de l'actuelle diversité dans la collection *ex situ*.



Analyse de cladogrammes de 340 échantillons issus de 319 accessions de manioc (25 sauvages, 281 races primitives de diverses collections de base *ex situ* / de champ de l'IITA et 14 cultivées), génotypés à l'aide de marqueurs SNP 38K DArTseq montrant la diversité génétique disponible et la relation entre les accessions ayant des origines de différentes régions de l'Afrique occidentale (IITA, inédite). Les différentes couleurs indiquent les pays d'origine.

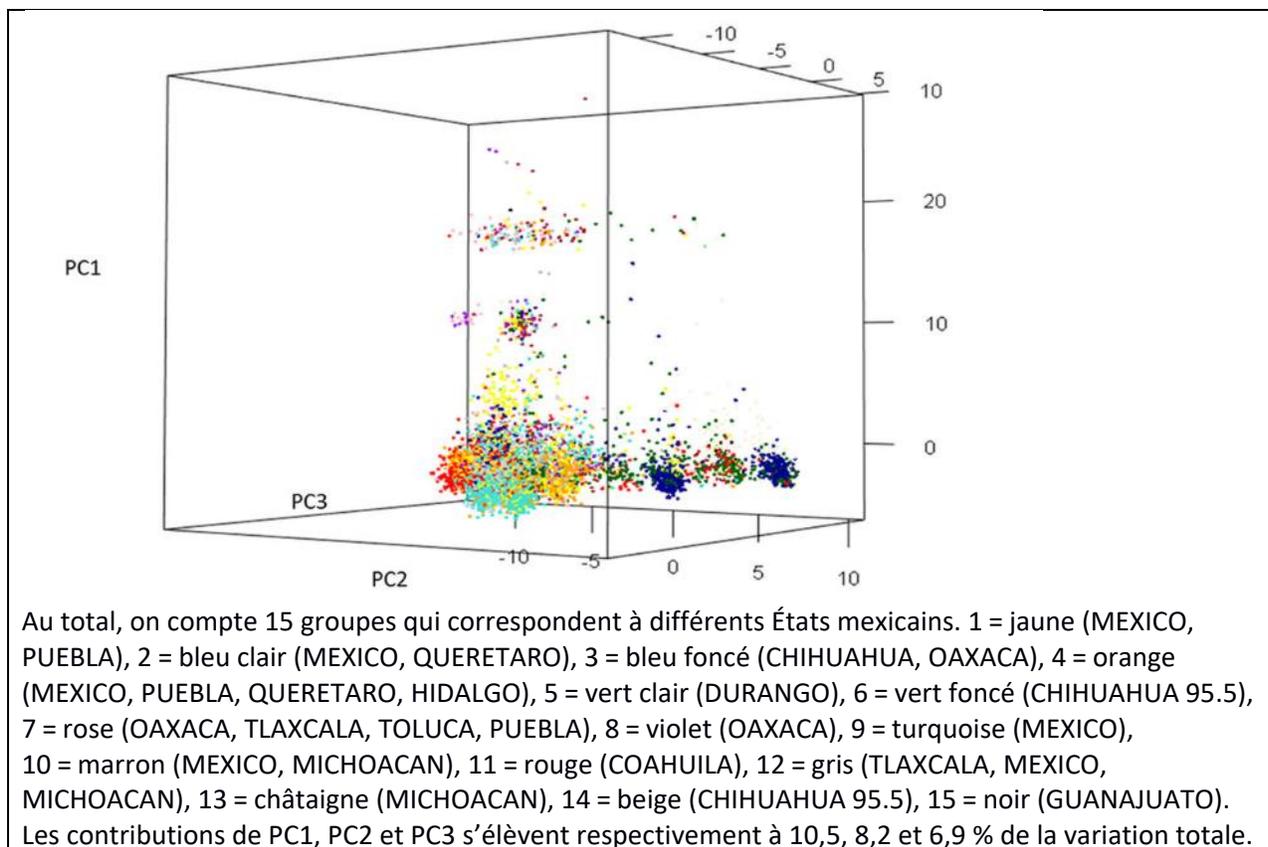
Les Centres du CGIAR ont pour mission de maximaliser l'exploitation de leurs collections en caractérisant les ressources phytogénétiques et en partageant les informations relatives au germoplasme qu'ils détiennent. Cependant, la simple identification des traits pouvant susciter un intérêt ne suffit pas, car l'étendue des collections rend pratiquement impossibles l'incorporation et l'exploitation de ces traits pour améliorer les programmes. La création de sous-ensembles plus petits ou de sous-ensembles de référence de base permet aux programmes de sélection de recourir à de tels traits, comme c'est le cas avec les races primitives de blé mexicain présentées dans l'encadré 3, les collections ICRISAT dans l'encadré 4 et le riz africain dans l'encadré 5. L'information génétique permet de créer judicieusement ces ensembles de base pour assurer la représentation de la diversité des collections dans l'ensemble de base, et pour fournir aux sélectionneurs des conseils quant à l'utilisation de ces ensembles de manière plus efficace.

### **Encadré 3 : Déverrouillage de la diversité génétique des variétés de blé créole**

(résumé d'un document présenté par Vikram et al. 2016)

Ces races primitives de blé mexicain connues également sous le nom de « blés créoles » ont été introduites aux Amériques du 16<sup>e</sup> au 18<sup>e</sup> siècle. Elles se sont progressivement adaptées aux conditions locales environnementales, y compris dans de nombreuses régions soumises à la chaleur et à la sécheresse. À ce titre, elles devraient comporter des variations génétiques utiles pour la tolérance au stress. L'introduction de la diversité génétique de ces blés créoles dans les pipelines de sélection pourrait aboutir à la mise au point de la prochaine génération de variétés de blé. Avec cet objectif à l'esprit, une équipe de scientifiques du CIMMYT, l'Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP) au Mexique et le Conseil de la biodiversité du Punjab (Inde) ont réalisé une étude pour : (1) caractériser la collection de variétés de blé mexicain conservées dans la Banque de matériel génétique CIMMYT ; et (2) développer un ensemble de référence de base défini à l'aide de plusieurs variables. Un ensemble de référence de base est un sous-ensemble d'une collection de ressources génétiques qui représente l'ensemble de la diversité de la collection, mais qui est suffisamment restreint pour que les éleveurs puissent faire l'évaluation des traits intéressants. Autrefois, les ensembles de référence de base étaient établis à partir d'une seule variable, par exemple des données génotypiques, des mesures de phénotype ou une répartition géographique. L'utilisation simultanée de plusieurs types de variables (génotype, phénotype, géographie, etc.) permet d'obtenir une estimation fiable de la diversité susceptible de faire l'objet d'une application phytogénétique. Résultat : 8 416 races primitives de blé représentant tout un éventail d'agroécologies mexicaines ont été caractérisées à l'aide de marqueurs génétiques (DarTseq) et ont également fait l'objet d'un phénotypage pour déterminer le potentiel de rendement, la tolérance à la sécheresse, à la chaleur, la résistance à la rouille jaune, afin d'identifier un ensemble de référence de base susceptible de représenter cette variation importante. Cet ensemble de référence de base regroupe 89 % des allèles rares présents dans l'ensemble complet.

Figure 2 : présentée sous forme de graphique en 3D, l'analyse en composantes principales (ACP) montre la répartition des groupes de races primitives du blé mexicain sur la base des marqueurs génétiques.



#### **Encadré 4 : Création de mini-collections de base pour exploiter davantage le germoplasme pour l'amélioration des espèces cultivées**

La diversité du germoplasme est à la base des programmes d'amélioration des espèces cultivées. Cependant une grande partie du germoplasme détenu dans les génothèques n'a pas encore été utilisée dans les programmes d'amélioration des cultures. Il est donc nécessaire d'utiliser plus de germoplasme dans les programmes d'amélioration des espèces cultivées afin d'assurer une production agricole durable et accrue pour la sécurité alimentaire. La génothèque ICRISAT conserve plus de 125 000 accessions de six plantes sous mandat et de cinq petits mils provenant de 144 pays. Cette utilisation peu élevée du germoplasme s'explique par le manque d'information quant aux traits d'importance économique et l'ampleur des collections. Pour améliorer l'utilisation du germoplasme dans les programmes d'amélioration des espèces cultivées, des collections de base représentatives (10 % de l'ensemble de la collection) ont été mises au point en utilisant des données quantitatives et qualitatives sur les traits du pois chiche, du pois cajan, de l'arachide, du sorgho, du millet perlé, du mil rouge, du millet des oiseaux, du millet commun, du pied-de-coq cultivé, de l'herbe à épée, de la miliade. Malheureusement, le nombre d'accessions à ces ensembles de référence de base est toujours trop important pour permettre une évaluation pertinente dans les programmes de sélection. Pour surmonter ce problème, les scientifiques de l'ICRISAT (Upadhyaya et Ortiz, 2001) ont développé le concept de mini-collection de base (10 % de la collection de base ou 1 % de l'entière collection) et ont proposé une stratégie en deux phases en utilisant les données relatives aux traits de la mini-collection de base. Une vaste évaluation multidisciplinaire de mini-collections de base a permis d'identifier de nouvelles sources

de variation pour de multiples caractères y compris la tolérance aux stress biotiques et abiotiques et les caractéristiques nutritionnelles et agronomiques. Ces mini-ensembles de référence de base ont été distribués aux sélectionneurs dans 36 pays pour être utilisés dans des programmes d'amélioration. Le séquençage de ces mini-collections de base serait d'une grande valeur pour déterminer les variations de séquence associées aux traits et permettrait d'identifier les lignées de germoplasme les plus utiles pour être utilisées comme parents dans les programmes de sélection.

**Encadré 5 : Variation génétique et structure des populations d'*Oryza glaberrima* et mise au point d'un ensemble de référence de base à l'aide d'un séquençage DArT**

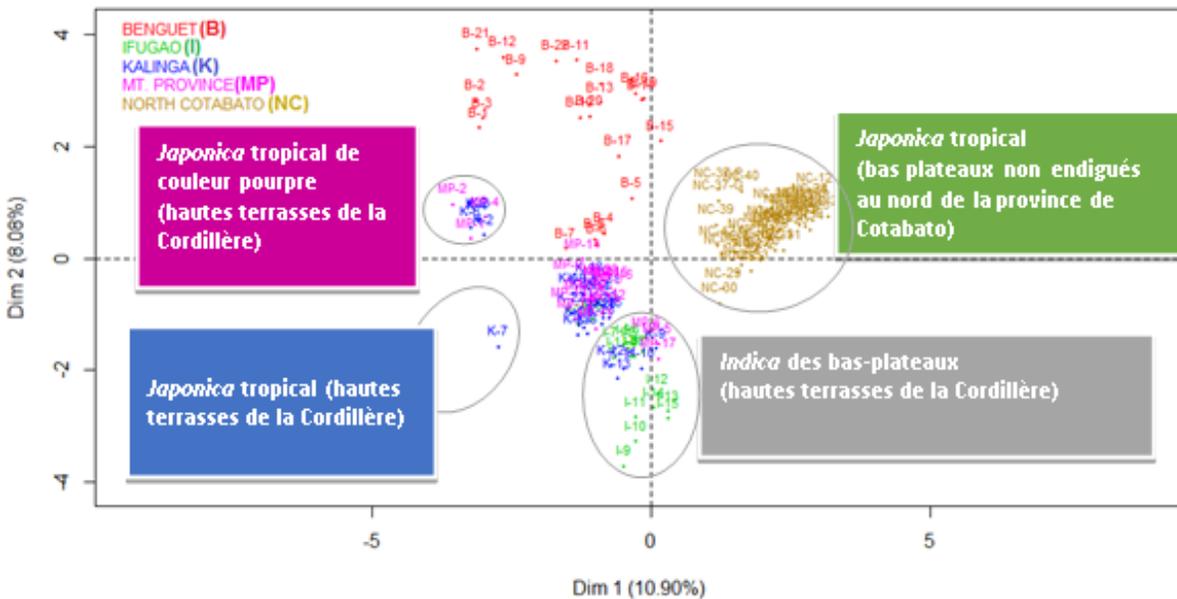
La génothèque AfricaRice détient deux espèces cultivées (*Oryza sativa* et *O. glaberrima*) et cinq espèces sauvages (*O. longistaminata*, *O. barthii*, *O. punctata*, *O. brachyantha* et *O. eichingeri*), la plupart étant d'origine africaine. Ces accessions de riz présentent des mécanismes d'adaptation ou de protection aux différents stress abiotiques et biotiques, mais sont généralement caractérisées par un certain nombre de traits agronomiques indésirables. Pour combiner certains traits d'importance économique du riz asiatique (*O. sativa*) et du riz africain, des programmes de sélection interspécifiques ont été lancés par AfricaRice aux débuts des années 1990, ce qui a permis de mettre au point et d'homologuer plusieurs variétés interspécifiques pour différentes écologies en Afrique. L'hybridation interspécifique réussie de deux espèces cultivées de riz homologuées et protégées au travers de la marque déposée New Rice for Africa (NERICA) montre clairement l'utilité du germoplasme du riz africain dans la mise au point de variétés améliorées modernes qui combinent le rendement potentiel élevé des parents *O. sativa* et l'adaptabilité aux différents stress abiotiques et biotiques des parents *O. glaberrima*. L'analyse génétique de la collection AfricaRice a permis de mettre au point un ensemble de base de 1 330 accessions et un mini-ensemble de base de 300 accessions. L'ensemble de base comporte 61 % de l'ensemble de la collection tandis que le mini-ensemble de base comporte 14 % de ladite collection. Les deux représentent entre 97 et 99 % du polymorphisme du nucléotide simple (SNP) et pratiquement tous les allèles et les fréquences de génotype observés dans toute la collection *O. glaberrima*.

Dans le droit fil des projets visant la préservation des races primitives riches du point de vue génétique et des variétés traditionnelles au travers de leur culture et de leur commercialisation par les agriculteurs, certains centres du CGIAR, en collaboration avec des organisations locales et nationales ont appliqué les outils génomiques pour procéder à une caractérisation génétique de la diversité des races primitives trouvées dans des collections *in situ*. Le projet de riz patrimonial des Philippines présenté dans l'encadré 6 illustre ce point de manière parfaite. Pour les animaux domestiques, un nombre d'études telles que celle présentée dans l'encadré 7 concernant le chameau de Bactriane a eu recours aux données de séquence génétique pour appréhender la structure génétique des différentes populations de races ou de croisements et la relation entre les différentes populations, fournissant de cette manière des informations utiles pour pouvoir concevoir des stratégies de préservation et déterminer les priorités quant aux actions à mener pour la préservation, sur la base de l'érosion génétique dans certaines populations, races ou espèces.

**Encadré 6 : Application de la caractérisation génétique à la conservation *in situ* et utilisation du riz patrimonial aux Philippines**

Le projet de riz patrimonial qui a démarré en 2014 est soutenu par le Ministère de l'Agriculture des Philippines et par l'IRRI. Ce projet a pour objet d'améliorer la productivité, d'enrichir l'héritage des variétés patrimoniales et de donner aux communautés les moyens de cultiver des variétés patrimoniales dans les écosystèmes marginaux basés sur la culture du riz aux Philippines. Certaines variétés de riz patrimonial présentent des qualités exceptionnelles en termes de cuisson, de goût, d'arôme, de texture, de couleur et de valeurs nutritives, d'autres résistent mieux aux maladies et présentent une grande tolérance aux stress écologiques. Cependant, les agriculteurs doivent surmonter plusieurs obstacles s'ils veulent cultiver et vendre ces variétés. Parmi ces obstacles, citons le manque d'accès à des semences de qualité, les faibles rendements, etc. Certaines variétés patrimoniales disparaissent progressivement. En plus du maintien de la biodiversité dans la région, le développement des marchés et des produits est crucial pour que les agriculteurs puissent continuer de cultiver ces variétés de riz menacées. En caractérisant les races primitives existantes, les scientifiques ont eu recours à l'analyse ADN pour saisir les relations entre les différentes variétés et pour déterminer la présence de gènes novateurs associés à des traits importants tels que la résistance aux parasites et aux maladies, ces traits étant susceptibles de protéger ces races primitives uniques contre ces stress. Ce travail permettra d'augmenter les connaissances des agriculteurs concernant leur diversité de riz patrimonial et leurs débouchés commerciaux. Dans ce projet, les agriculteurs et autres parties prenantes ont reconnu l'importance de préserver ces variétés uniques en leur genre pour les générations à venir. La conservation *ex situ* est donc poursuivie en vertu d'un accord de « boîte noire » à l'échelle nationale (Génothèque de l'Institut de recherche rizicole aux Philippines) et des banques de gènes internationales (Institut international de recherche sur le riz (IRRI)).

### Analyse factorielle multiple (AFM) de variétés de riz traditionnel et de riz patrimonial



Analyse factorielle multiple (AFM) effectuée par FactoMineR (paquet R) indiquant les relations entre 119 variétés de riz cultivées *in situ* par les agriculteurs, sur la base des groupes de variables suivants : (1) Région des Philippines = Province **SOURCE** [catégoriel : Région administrative de la Cordillère (CAR, hautes terrasses irriguées) = Benguet (B), Ifugao (I), Kalinga (K), Mountain Province (MP) et Mindanao (Région 12, bas-plateaux non endigués) = North Cotabato (NC)]; (2) **Génotype**, 558 SNP (catégoriel : A,T,C,G) ; (3) **Traits morphoagronomiques**, 8 catégoriels + 4 numériques ; (4) **Qualité du grain**, 1 catégoriel + 21 numériques ; (5) **Réaction aux maladies** (BB) [catégoriel : résistant (R), moyennement résistant (MR), moyennement vulnérable (MS), vulnérable (S)].

### **Encadré 7 : Appréhension de la diversité génétique du chameau de Bactriane à des fins de préservation**

Comme ils résistent au froid, à la sécheresse et aux hautes altitudes, les chameaux de Bactriane (*Camelus bactrianus*) sont particulièrement appréciés dans les steppes et les montagnes de l'Asie centrale. Ils pourraient être une source de traits potentiellement utiles dans les programmes d'élevage, mais leur nombre est en décroissance ces dernières années. Les stratégies de préservation et d'élevage sont entravées, entre autres, par le fait que les connaissances de la diversité génétique des chameaux de Bactriane et la relation avec des populations existantes sont extrêmement limitées. Avec des partenaires de recherche situés en Chine et en Mongolie, les scientifiques de l'ILRI ont appliqué l'analyse génétique en utilisant des marqueurs microsatellites pour caractériser des populations de chameaux de Bactriane dans ces deux pays. L'étude a révélé des différences notables entre les populations chinoises et les populations mongoliennes. Elles présentent des flux génétiques au sein des populations cibles (résultant probablement du commerce effectué le long de la route de la soie, mais aussi de la transhumance). L'étude a confirmé que les chameaux de Bactriane de Chine et de Mongolie sont éloignés du point de vue génétique et qu'ils doivent être considérés comme des populations bien distinctes dans les cadres de préservation et d'élevage (Jianlin et al, 2004).

### **3. Contribution des informations sur les séquences génétiques dans l'utilisation de la diversité biologique**

Les obligations des parties contractantes quant à l'utilisation durable de la diversité biologique sont définies dans l'article 10 (utilisation durable) et l'article 7 (identification et surveillance liées à la conservation et à l'utilisation durable).

Les variations génétiques naturelles ont permis à l'être humain de sélectionner des plantes, des animaux et des microorganismes durant ces 13 000 dernières années. Grâce à l'application de différentes techniques et méthodologies d'élevage, l'être humain a été en mesure de modifier le génotype de ces ressources et de sélectionner des expressions différentielles de traits (phénotype) afin d'obtenir des races animales, des variétés végétales ou des cultivars et souches de microorganismes capables de répondre à nos besoins changeants et émergents.

Au sein du secteur agricole, l'information génomique contribue à l'exploitation durable de la diversité biologique dans le contexte de la sélection végétale et de l'élevage. Dans un sens conventionnel, la sélection et l'élevage dépendent de la variation génétique naturelle ou induite combinée avec la sélection efficace de combinaisons génétiques favorables et l'évaluation de phénotypes pour identifier des variantes d'intérêt pour des traits désirables. La sélection conventionnelle peut être améliorée et elle a été améliorée, raccourcie et rendue plus précise grâce à l'usage de l'information génomique.

Les économistes estiment que le taux actuel de gain génétique dans l'amélioration des variétés et des races animales doit être doublé pour répondre à la croissance de la population et des revenus. Les défis scientifiques à relever sont importants pour pouvoir pleinement mettre au point les technologies qui nous

permettront d'atteindre le taux de gain génétique fixé. Pour obtenir des informations et des connaissances utiles sur les ressources génétiques, nous avons besoin d'apprendre à gérer et à interpréter des quantités considérables de données. Ceci inclut l'analyse des données pour comprendre comment les différences dans les séquences génomiques ont conduit à des différences dans le potentiel d'adaptation ainsi que dans la valeur productive pour l'agriculteur. Cet immense défi scientifique ne doit pas être sous-estimé. La fonction et l'action de chaque gène diffèrent en fonction de l'organe de la plante ou de l'animal, de l'âge ou du stade de développement de l'organe, de l'étape de vie de l'espèce cultivée ou de l'animal, de l'ensemencement ou de la naissance à l'assiette du consommateur, et pour le consommateur la valeur résulte de l'intégration de tous ces effets durant leur vie. Par ailleurs, l'effet, l'impact et l'expression de chaque gène dépendent d'une myriade de facteurs complexes interconnectés y compris de la composition complète des facteurs génomiques, abiotiques et biotiques et des pratiques agronomiques. Par conséquent, sélectionner les bonnes combinaisons génétiques pour répondre aux besoins des agriculteurs, des marchés cibles et des consommateurs constitue une tâche colossale. Dans l'ensemble, les pays en développement ne bénéficient pas autant que les pays développés des gains génétiques (sous forme de nouvelles variétés, races et croisements) résultant de la sélection ou de l'élevage conventionnel. Les taux et niveaux d'adoption des nouvelles variétés améliorées en Afrique subsaharienne sont plus bas et moins rapides qu'en Europe et en Amérique du Nord. Il est à espérer que conjuguées aux nouvelles techniques de sélection végétale et de reproduction animale les capacités de séquençage et de phénotypage permettront d'accélérer les gains génétiques mis à la disposition des agriculteurs dans le monde en développement et de réduire cet écart entre les pays en développement et les pays développés. Nous reviendrons sur le sujet dans la section 4 du présent document pour ce qui est du partage des avantages. En attendant, le reste de cette section sera consacrée à la discussion technique de savoir comment l'information sur les séquences génomiques peut contribuer à l'exploitation durable de la diversité biologique.

### **Les marqueurs moléculaires comme catalyseurs de reproduction**

Les nouvelles techniques de reproduction et de sélection ont de plus en plus recours aux marqueurs moléculaires – des fragments d'ADN qui varient en raison d'un changement à certains endroits du génome – comme des « poteaux indicateurs » pour identifier des allèles particuliers (formes ou variantes d'un gène) d'intérêt dans les races ou accessions, pour sélectionner des races ou des lignées comme parents pour le croisement, pour sélectionner des descendances porteuses d'allèles favorables ou délétères dans les populations ségréatives et pour effectuer des prévisions génomiques (Collard & Mackill, 2008 ; McCouch et al., 2012). En conséquence, les marqueurs moléculaires peuvent être utilisés individuellement pour suivre les variantes individuelles des gènes (allèles) dont les effets sur les traits dans les populations ségréatives sont connus. Cette approche est souvent utilisée pour les traits qui présentent un patrimoine génétique simple tel que les traits de résistance aux maladies. Des marqueurs couvrant l'ensemble du génome peuvent être utilisés collectivement pour prédire des valeurs de traits afin de sélectionner des descendants prometteurs dans un programme de sélection. Cette approche s'appelle la « sélection génomique » (SG).

Depuis les années 1980, de multiples marqueurs moléculaires (ADN) et des techniques associées ont été mis au point ; certains conviennent davantage à la recherche sur la diversité de la population, à l'évolution, au flux génétique et à l'héritage des traits d'autres conviennent mieux aux programmes de sélection (voir le tableau 1 ci-dessous). Les marqueurs moléculaires reposent sur deux types de polymorphisme d'ADN (ou variations de séquence) : les polymorphismes à nucléotide simple (SNP) qui sont des variations d'un nucléotide simple à une position spécifique dans le génome et la variation présence absence (PAV) qui correspond à des insertions ou délétions de tronçons entiers de nucléotides. Les plateformes utilisées pour détecter et classifier ces polymorphismes d'ADN ont évolué rapidement ces dernières décennies. Elles passent actuellement de la détection de polymorphismes d'ADN par électrophorèse (p. ex. RFLP, RAPD, AFLP, SSR<sup>6</sup>) à la détection par séquençage de nouvelle génération (NGS) qui permet de déterminer simultanément la séquence exacte de milliers voire de millions de longueurs données d'ADN. En conséquence, le génotypage, c'est-à-dire l'identification et l'analyse des différents marqueurs moléculaires (polymorphisme) chez des individus au sein d'une population ou entre les populations, a augmenté en termes de sensibilité, de précision et de vitesse. Même si la répétition dans le même sens d'un motif simple (SSR) a été la principale technique d'électrophorèse, elle a été rapidement remplacée par les polymorphismes à nucléotide simple (SNP) considérés comme des marqueurs moléculaires de prédilection ayant la capacité de générer des centaines de milliers de marqueurs génétiques à un prix modéré (voir le tableau 1 ci-dessous).

Les méthodes qui recourent aux marqueurs de nouvelle génération (NGS), telles que le génotypage par séquençage (GBS), le séquençage DArT (DArTseq) et le génotypage par séquençage de fragments d'ADN associés à un site de restriction (RADseq), toutes ces méthodes ont recours aux plateformes NGS pour déterminer la structure primaire de sous-ensembles de fragments d'ADN dérivés de différents génomes. Le séquençage de génomes entiers est de plus en plus abordable et fiable du fait du perfectionnement rapide des plateformes de séquençage. Certes, il n'a pas contribué à promouvoir les programmes d'amélioration des espèces cultivées, mais son potentiel est énorme. La combinaison des génotypages NGS et SNP est un outil qui s'avère rapide et économique pour le génotypage des populations reproductrices et l'analyse des variations génétiques au travers d'études d'association pangénomique (GWAS en anglais) pour procéder à la sélection génomique (SG) pour l'identification des traits régulés par de multiples gènes difficiles à identifier au travers de techniques conventionnelles en raison de la complexité de la transmission génétique. L'appréhension de l'héritage de tels traits est d'autant plus complexe que l'influence de l'environnement sur des facteurs tels que le rendement, les stress abiotiques chez les plantes, la croissance et la fertilité chez les animaux et les génomes complexes et larges chez les espèces cultivées telles que le blé et la pomme de terre, est considérable.

---

<sup>6</sup> Polymorphisme de taille des fragments de restriction, polymorphisme de l'ADN révélé par amplification aléatoire, polymorphisme de longueur des fragments amplifiés, répétition dans le même sens d'un motif simple.

**Tableau 1. Différents types de marqueurs moléculaires pour des applications liées à la diversité et à l'élevage**

Aspect					
Marqueur moléculaire	Base de polymorphisme	Degré de polymorphisme	Domaine d'application	Avantages	Inconvénients
RFLP <i>Polymorphismes de taille des fragments de restriction</i>	Différentes tailles d'allèles associés aux fragments de restriction générés par les enzymes (endonucléases)	Moyen	Génétique, p. ex. pour déterminer la position d'un gène spécifique sur un chromosome ; flux génétique ; études phylogénétiques	Premiers marqueurs d'ADN utilisés pour le génotypage ; utiles pour la cartographie génétique	Requiert <i>a priori</i> des connaissances concernant les séquences d'ADN étudiées et un nombre important d'échantillons ; exigeant en termes de temps et de technique ; automatisation difficile ; couverture limitée du génome (faible nombre de copies de la région codante) ; rarement utilisé de nos jours
RAPD <i>ADN polymorphes aléatoirement amplifiés</i>	Différentes tailles d'allèles en fonction de la taille des amorces courtes en complément des ADN ciblés aléatoirement chez de multiples loci.	Élevé	Diversité, p. ex. espèces voisines ; cartographie génétique	Bon marché ; pas très exigeant en termes de temps et de technique ; produit un nombre important de bandes susceptibles d'être caractérisées individuellement	Faible reproductibilité ; surtout dominant ; difficile à analyser ; difficile à automatiser ; études comparatives croisées difficiles
AFLP <i>Polymorphismes de taille des fragments amplifiés</i>	Différences de taille des fragments de restriction amplifiés de manière sélective	Élevé	Diversité et génétique, p. ex. études de structuration des populations et caractérisation des ressources animales et végétales	Possibilité de générer un nombre important de marqueurs	Faible reproductibilité

SSR <i>Répétitions de séquences simples</i>	Répétitions de séquences simples en tandem de 1 à 6 nucléotides en longueur	Élevé	Diversité, génétique et sélection, p. ex. pour faire la distinction entre des génotypes voisins (études de populations) ; études de déséquilibre des liaisons (c'est-à-dire association d'un locus pathogène et d'un marqueur)	Très informatif (vaste nombre d'allèles, hétérozygose élevée) ; codominant ; facile à isoler, biais de constatation faible	Taux élevé de mutation ; comportement complexe à la mutation ; pas suffisamment abondant ; difficile à automatiser ; les études comparatives croisées exigent une préparation spéciale
SNP <i>Polymorphismes à nucléotide simple</i>	Mutation d'un nucléotide simple chez un locus spécifique dans une séquence d'ADN	Élevé	Diversité, génétique et reproduction, p. ex. variation génétique chez différentes espèces et races	Taux de mutation faible ; abondance élevée ; potentiel élevé d'automatisation ; études comparatives croisées faciles	Hétérogénéité substantielle entre les sites ; isolation onéreuse ; insuffisance de l'information fournie par un seul SNP
GBS <i>Génotypage par séquençage</i>	Séquences des extrémités de tous les fragments de restriction d'ADN produits par un enzyme fréquent de coupure ; génère un vaste nombre de SNP	Élevé	Réalisation d'une carte génétique : génotypage des polymorphismes mononucléotidiques (SNP) chez une variété d'espèces et de populations utiles pour la reproduction ; génétique végétale et caractérisation du germoplasme	Utile en cas de grande diversité et de grandes espèces génomiques ; bon rapport coût-efficacité en cas de sélection assistée par génomique ; haute automatisation ; plus facile à utiliser et moins exigeante que le séquençage par ADN polymorphes aléatoirement amplifiés du point de vue technique	Gestion et analyse d'un grand nombre de données ; technologie propriétaire

DArTseq <i>Séquençage DArT</i>	Le principe consiste à réduire la complexité du génome, le génome retenu étant celui qui présente les gènes principalement actifs (séquences cibles à faible nombre de copies)	Élevé	Cartographie de haute résolution et dissection génétique détaillée des traits ; phylogéographie (chez les animaux) ; parenté génétique des espèces ; études d'origine des espèces	Les méthodes de réduction de la complexité sont simples et plus économiques que les méthodes reposant sur la sélection basée sur le génome ; reproductibilité élevée ; forte représentation des hétérozygotes	Gestion et analyse d'un grand nombre de données ; source unique pour technologie propriétaire
RADseq <i>Séquençage de fragments d'ADN associés à un site de restriction</i>	Séquences de courtes régions (entre 50 et 100 bases) accompagnant chaque site de restriction pour une endonucléase	Élevé (découvre entre des centaines et des milliers de marqueurs génétiques polymorphes dans un sous-ensemble de génome)	Études portant sur la différenciation des populations et la sélection ; phylogéographie ; génomique écologique et évolutive ; cartographie des liaisons génétiques	Coût relativement faible (plus grand nombre d'échantillons) et simple ; plus grande couverture par locus ; aucune information génomique préalable requise	Biais dus aux pertes d'informations d'allèles, copies à l'identique de PCR et variance en profondeur de la couverture parmi les loci (tout ce qui précède varie en fonction de la méthode de séquençage RAD retenue)

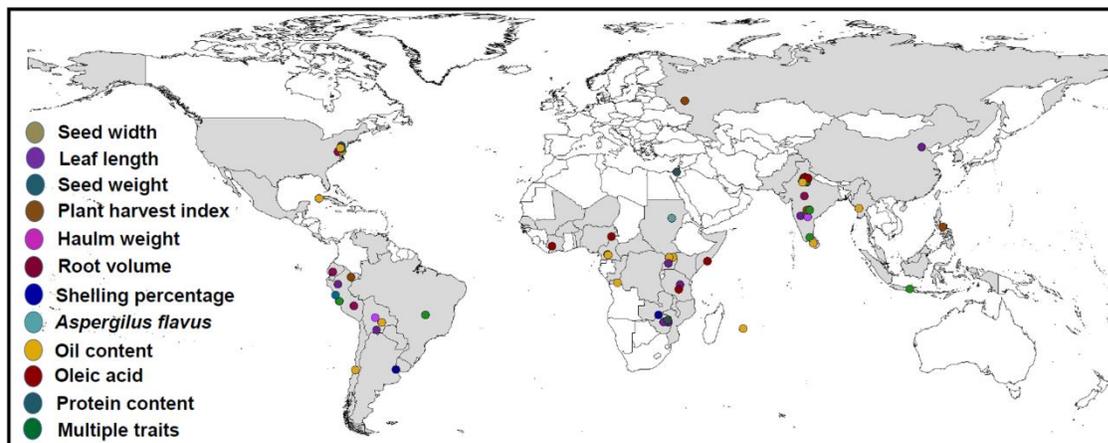
L'utilisation de marqueurs moléculaires au sein du CGIAR a permis aux chercheurs d'identifier des gènes qui contrôlent des traits importants (Encadré 5). Par exemple, les chercheurs de l'IRRI ont identifié un gène de germination anaérobie qui améliore la germination du riz en conditions d'anaérobiose. La tolérance du sol anaérobie durant la germination permet une germination uniforme et l'établissement des semis en submersion ce qui est un trait clef pour la mise au point d'un riz tropical à ensemencement direct, ce qui constitue un moyen d'intensification et d'économie pour la production de riz. Les chercheurs de l'ICRISAT ont identifié les marqueurs moléculaires pour les loci à caractère quantitatif (QTL) qui ont une incidence sur la teneur en fer et en zinc dans le sorgho, ce qui permettrait de réduire la malnutrition dans les pays producteurs et consommateurs de sorgho. Les chercheurs du CIAT et de l'IITA ont identifié les loci à caractère quantitatif associés à la résistance à l'acarien vert du manioc, à la maladie de la mosaïque du manioc, à la maladie des stries brunes du manioc, mais aussi à la teneur en provitamine A et à la teneur en matière sèche chez les racines d'entreposage. Les chercheurs du CIMMYT quant à eux ont mis au point et déployé des marqueurs de production pour augmenter la teneur en provitamine A, la résistance au virus de la striure du maïs (VSM), à la nécrose létale du maïs (NLM) et le taux d'induction des haploïdes. Les travaux du CIAT sur les fourrages ont conduit à l'identification de la région génomique

associée aux apomixies chez les espèces *Urochloa* qui ont contribué à l'accélération des cycles reproductifs de sélection et donc au progrès rapide dans la mise au point de graminées à forte valeur ajoutée. L'encadré 8 présente des cas dans lesquels les études d'association pangénomique ont été effectuées pour identifier les variantes génétiques présentant des traits pertinents. Les encadrés 9 et 10 portent sur les progrès réalisés dans l'exploitation de l'information génomique et les outils pour la sélection de cultures mineures et la reproduction des poissons.

#### **Encadré 8 : Exemples de percées en matière d'amélioration des espèces cultivées par les Centres du CGIAR en utilisant des études d'association pangénomique**

Les données numériques de séquences génétiques obtenues à partir de techniques de génotypage à haut débit ont grandement modifié notre possibilité d'examiner des germoplasmes fort divers à grande échelle dans les banques de gènes mondiales pour identifier la variation des allèles liés aux traits agronomiques. Les études d'association pangénomique menées par les chercheurs du CGIAR sur le riz (McNally et al, 2009 ; Zhao et al, 2011), le maïs (Yang et al , 2011 ; Romero Navarro et al, 2017), le blé (Ogbonnaya et al, 2007), la cacahuète (Pandey et al, 2014), le sorgho (Upadhyaya et al, 2016), la banane (Sardos et al, 2016) et le manioc (Wolfe et al, 2016) ont conduit à l'identification d'une diversité utile et de marqueurs moléculaires pour un large éventail de traits.

Par exemple, une étude a été effectuée sur un ensemble de références d'accessions des marqueurs génétiques identifiés au niveau de la génothèque de l'ICRISAT, liés à des traits importants du point de vue agronomique chez la cacahuète, permettant d'offrir de nouvelles perspectives pour les programmes de sélection à l'avenir. La figure suivante est issue de cette étude.



Source : Pandey et al. 2014

Pour faciliter la cartographie de l'association pangénomique, une plateforme de recherche de haute qualité à libre accès vient d'être ouverte comme cela est décrit dans McCouch et al, 2016.

#### **Encadré 9 : Le Consortium africain des cultures orphelines (AOCC)**

Le Consortium africain des cultures orphelines (AOCC) regroupe l'ICRAF ainsi que différentes organisations. Créé en 2014-15, ce consortium a pour objet d'améliorer les moyens de subsistance des petits exploitants en facilitant l'accès à 101 cultures orphelines sélectionnées, en améliorant la qualité ainsi que l'accès aux marchés. L'AOCC représente un large éventail d'acteurs provenant du secteur public (organisations gouvernementales, non gouvernementales, intergouvernementales) et du secteur privé (entreprises alimentaires, sociétés de produits de base et de technologie) qui sont parties prenantes dans tout l'écosystème des cultures orphelines. L'AOCC développe des ressources génomiques à partir du séquençage de génome entier et du séquençage de diversité en utilisant les toutes dernières technologies de séquençage et de génotypage. Cette approche devrait bénéficier à des millions de petits exploitants qui sont les principaux détenteurs de ces richesses. Le séquençage se traduit tout d'abord par le développement de panels de SNP pour ces espèces cultivées, 50 % d'entre elles étant des arbres de feuilles pérennes. Ces développements permettront d'enrichir les programmes nationaux de sélection au travers du processus du NEPAD (Nouveau partenariat pour le développement de l'Afrique) qui constitue l'organe de développement de l'Union africaine pour toute l'Afrique. L'Académie africaine de sélection végétale (AfPBA) est une initiative de renforcement des capacités qui a été lancée par l'AOCC. Elle s'occupe de la formation de 120 obtenteurs dans l'usage d'outils génomiques dans le cadre de programmes nationaux de sélection des systèmes de recherche agricole nationaux.

#### **Encadré 10 : Emploi de la génomique pour l'amélioration piscicole**

Depuis 1988, WorldFisch utilise la reproduction sélective pour mettre au point et gérer la souche GIFT (tilapia d'élevage génétiquement amélioré). Disséminée dans au moins 16 pays, surtout dans le monde en développement, la souche est cultivée par des millions de petits exploitants pratiquant la pisciculture pour l'alimentation, la nutrition et les rentrées d'argent.

L'utilisation d'outils de sélection génomique pour la sélection des animaux sur la base de marqueurs génétiques a permis à WorldFisch d'élargir sa recherche sur GIFT au-delà de la question de la croissance, en introduisant une sélection sur la base de caractéristiques difficiles à mesurer comme la résistance et l'efficacité de l'alimentation animale.

Au stade préliminaire, les scientifiques de WorldFisch et ceux de ses partenaires (l'Institut Roslin et autres organismes de recherche) ont identifié 13 215 marqueurs SNP et 12 490 marqueurs silicoDArT (dominants) issus de géniteurs provenant de deux programmes de sélection (souche malaisienne GIFT et souche égyptienne Abbassa) et ont commencé à tester ces marqueurs en vue d'un dépistage génomique rapide et de leur utilisation dans les programmes de sélection liés au tilapia.

### **Ingénierie génomique et biologie synthétique**

Vers la fin des années 1970, les chercheurs ont documenté des levures et des bactéries intégrant des ADN exogènes dans leurs génomes de manière aléatoire. Depuis lors, l'ingénierie génomique se concentre sur l'insertion de nouveau matériel génétique dans les génomes des organismes et le contrôle de leur expression. Des animaux, des microorganismes et des plantes sont issus du génie génétique aux niveaux expérimental et commercial. Les bactéries et les champignons génétiquement modifiés (GM) sont utilisés

dans un nombre grandissant d'applications dans le secteur de la biorestauration, dans les industries de l'agroalimentaire, du textile et du papier, la fabrication de produits pharmaceutiques et de santé ainsi que dans le secteur agricole. Les tomates de longue durée de conservation ont été les premières cultures GM qui ont été commercialisées (1994), suivi des pommes de terre résistantes aux insectes (1995), les sojas résistants à l'herbicide glyphosate (1996) et les papayes résistantes aux virus (1998). Vingt-et-un après la commercialisation de la première espèce cultivée GM, ces espèces sont cultivées par près de 8 millions d'agriculteurs sur 185 millions d'hectares dans 26 pays (ISAA 2016).

Au cours de ces dix dernières années ou presque, les technologies émergentes telles que les nucléases programmables, p. ex. les nucléases à doigt de zinc (ZFN) et l'endonucléase d'ADN guidée par ARN Cas9 issue des systèmes bactériens CRISPR, ont donné naissance à l'ingénierie génomique (ou édition génique) : l'induction de modifications ciblées au génome, ses contextes (p. ex. marques épigénétiques) ou ses extrants (p. ex. transcrits) (Schiml & Puchta, 2016 ; Petolino et al., 2016). Les modifications génomiques ciblées incluent l'induction des mutations dans 8 loci sélectionnés au préalable pour perturber la fonction d'un ou de plusieurs gènes ; l'édition de séquences existantes pour reproduire d'anciens allèles ou pour introduire de nouveaux allèles ; et l'introduction de nouveau matériel génétique dans des loci spécifiques ou des régions du génome. Il est aussi possible de changer les modifications de l'ADN telles que la méthylation, de manière à moduler l'expression génétique. Conjuguée avec la possibilité de synthétiser chimiquement les molécules d'ADN à des coûts de plus en plus bas, l'ingénierie génomique permet de concevoir et de tester de multiples variations novatrices dans n'importe quel locus génétique souhaité, y compris les combinaisons multifactorielles (Puchta, 2017).

Certes, les technologies et les processus comme l'édition génique et la biologie synthétique<sup>7</sup> sont encore à un stade relativement précoce de développement et restent difficiles à exécuter. Il n'en reste pas moins qu'elles se développent rapidement. Ces technologies ont le potentiel de réduire considérablement le temps qui s'écoule entre la découverte au laboratoire et la transformation en produits commercialisables en permettant une conversion directe des allèles défavorables en allèles favorables dans des germoplasmes ou des races utiles du point de vue agronomique, réduisant ainsi le nombre de cycles de reproduction requis. À la fin, si ces technologies continuent de se développer et deviennent de plus en plus accessibles, les agriculteurs pourront demander la modification ciblée d'un cultivar de grande valeur dans le cadre de la sélection. Ceci permettrait de mettre au point et en place de nouveaux traits génétiques ou une nouvelle combinaison de caractéristiques génétiques dans un cultivar et ce, de manière plus rapide afin d'améliorer sa résilience aux stress, sa qualité nutritionnelle ou ses caractéristiques architecturales, de manière à ce que ce cultivar se prête mieux au système traditionnel de culture ou au

---

<sup>7</sup> Aux fins des présentes observations, nous entendons par biologie synthétique l'introduction de larges ensembles de gènes encodant des voies biochimiques complètes, modifiant ou créant de nouveaux organismes artificiels, cette introduction étant rendue possible par la combinaison d'une informatique puissante et de technologies d'ingénierie modernes.

paysage agricole moderne. L'encadré 11 présente deux cas dans lesquels l'édition génique a été incorporée dans la sélection végétale dans les Centres du CGIAR.

#### **Encadré 11 : Exemples d'édition génomique menée par les Centres du CGIAR**

##### **Édition génomique visant l'amélioration du riz, du manioc et du haricot dans les programmes de recherche du CIAT**

Le Centre international d'agriculture tropicale (CIAT) a commencé à appliquer l'édition génique tout d'abord sur le riz en 2014. Depuis lors le CIAT a également utilisé les CRISPR/Cas9 (« courtes répétitions palindromiques groupées et régulièrement espacées ») qui engendrent l'endonucléase Cas9 qui est capable de couper l'ADN précisément à n'importe quel emplacement complémentaire de son ARN guide, chez le manioc et l'haricot, au niveau expérimental (essais en laboratoire et en conditions confinées) pour l'instant. La recherche du CIAT est axée sur la résistance aux virus et aux bactéries, l'amélioration de la qualité nutritionnelle, l'obtention de semences de riz hybride, l'amélioration de la qualité de l'amidon, la production d'une résistance aux herbicides chez le manioc, l'amélioration de la qualité nutritionnelle du haricot et la détection précoce des pathogènes à des fins de diagnostic. Pour étayer la preuve du concept du système CRISPR/Cas9 pour le riz, les chercheurs du CIAT ont induit une mutation dans un gène qui régule la formation du rachis des feuilles et des carpelles de fleurs pour obtenir des feuilles retombantes et des fleurs induites par le mâle. La méthodologie est en cours d'évaluation pour éliminer les gènes de résistance aux antibiotiques comme marqueurs sélectionnables issus de plants de riz transgéniques présentant une teneur en zinc et en fer plus élevée (Valdés, 2016 ; Russell, 2015).

##### **L'édition génique au CIMMYT : résistance aux maladies et qualité du grain**

Le CIMMYT procède actuellement à la correction de gènes en se servant du système CRISPR/Cas9 afin d'obtenir des traits de qualité et une résistance aux stress chez le maïs et le blé. La nécrose létale du maïs (NLM) est une maladie endémique en Afrique orientale causée par la combinaison de deux phytovirus. Elle met gravement en péril la sécurité alimentaire dans cette région. En collaboration avec DuPont Pioneer (désormais DowDuPont), le CIMMYT a identifié une source importante de résistance à la NLM. L'isolation du gène responsable devrait se faire d'ici peu. En Afrique, la plupart des hybrides sont générés en combinant trois parents. La résistance à la NLM identifiée par le CIMMYT est récessive, ce qui signifie que chacune des lignées parentales en hybrides aurait besoin d'être modifiée pour pouvoir conférer un phénotype résistant aux hybrides. Le rétrocroisement conventionnel est un processus qui exige beaucoup de temps et de ressources. En outre, il est pratiquement impossible de recréer la constitution d'origine des parents hybrides étant donné que le génome résiduel du donneur, un parent résistant entrave le rendement en grains. CIMMYT et DowDuPont vont procéder à la correction du gène vulnérable à sa forme résistante de manière directe au niveau des parents des hybrides africains vulnérables vendus dans le commerce. Ceci permettra non seulement d'économiser des années de recherche, mais aussi d'éliminer le risque de baisse du rendement en modifiant précisément un simple locus.

Pour ce qui est du blé, CIMMYT a l'intention de concentrer ses efforts d'édition génique sur la création de variations additionnelles pour une résistance durable à la rouille, le mode de résistance préféré des sélectionneurs, et sur l'amélioration des ions métalliques (zinc et fer) en réduisant la teneur en phytate du grain.

## **Promotion de l'exploitation durable au travers d'utilisations complémentaires de l'information sur les séquences génétiques et les connaissances des agriculteurs**

Le secteur formel de la sélection n'est qu'une composante de la durabilité en utilisant des ressources génétiques d'espèces cultivées et d'animaux domestiques.

Les informations sur les séquences génétiques peuvent judicieusement contribuer aux programmes d'amélioration menés par les agriculteurs afin de compléter les connaissances des agriculteurs, la base des connaissances pour une gestion au niveau local et les efforts d'amélioration à l'avenir. L'encadré 12 présente un exemple issu des travaux menés par Bioversity International. Le séquençage génétique se révèle être un outil utile et fiable pour mesurer les niveaux d'adoption des variétés améliorées par les agriculteurs (voir encadré 13).

### **Encadré 12 : Combinaison de la sélection et de l'évaluation des variétés avec la participation des agriculteurs avec le génotypage : races primitives de blé en Éthiopie**

Dans une étude récente menée par Bioversity International dans le cadre du Programme semences pour semences, une combinaison des approches participatives, de la génomique et de la génétique quantitative a été utilisée pour déterminer la base génétique des préférences des petits exploitants pour ce qui est des traits du blé dur. Deux communautés de petits exploitants ont évalué 400 variétés de blé, pour la plupart des races primitives, pour déterminer des traits d'intérêt local à deux endroits dans les plateaux d'Éthiopie. Pour chaque variété de blé, les agriculteurs fournissent des évaluations quantitatives de leurs préférences en termes de temps de floraison, de morphologie de l'épi, de capacité de tallage et de qualité en général. Dix traits agronomiques et phénologiques ont été mesurés simultanément sur les mêmes variétés, fournissant ainsi le moyen de les comparer avec les traits souhaités par les agriculteurs. Les variétés de blé dur ont été génotypées pour plus de 80 000 marqueurs SNP et les données ainsi obtenues ont été utilisées dans une étude d'association pangénomique, ce qui a conduit à une dissection moléculaire des critères de sélection des petits exploitants. Ont été déterminés 124 loci putatifs à caractère quantitatif (QTL) affectant les traits requis par les agriculteurs et 30 QTL putatifs affectant les traits métriques. L'étude montre que les connaissances traditionnelles des petits exploitants peuvent être associées à des QTL pour des phénotypes désirés. Ces résultats démontrent qu'il est possible et opportun d'impliquer les communautés agricoles dans l'évaluation directe de grandes collections de génotypes à l'aide d'un ensemble sélectionné de traits sommaires convenus au préalable. La combinaison d'une sélection de variétés participative et d'une sélection végétale moderne permet non seulement d'accélérer le gain génétique dans la sélection visant les systèmes agricoles des petits exploitants, mais aussi d'améliorer les variétés pour mieux répondre aux besoins des petits exploitants (Kidane et al. 2017).

### **Encadré 13 : Évaluation de l'adoption de variétés améliorées de manioc par les agriculteurs colombiens à l'aide de SNP**

Pour faire une estimation de l'adoption des variétés améliorées de manioc -une plante racine à multiplication végétative, cultivée par les petits exploitants et consommée comme aliment de base dans

beaucoup de pays y compris la Colombie, le CIAT a caractérisé le génotype de 436 échantillons de tiges de manioc représentant des variétés identifiées/désignées par les agriculteurs de 217 ménages. En utilisant un tableau de 93 polymorphismes à nucléotide simple (SNP) les matériels génétiques ont été comparés avec la plupart des accessions d'Amérique latine détenues dans la génothèque du CIAT afin de déterminer leur relation génétique. Parmi les résultats obtenus, l'information génomique a mis en évidence une classification erronée de variétés améliorées cultivées qui devraient être considérées comme des races primitives (37 variétés améliorées et 180 races primitives selon l'identification réalisée par les agriculteurs eux-mêmes alors qu'il s'agit de 20 variétés améliorées et de 197 races primitives conformément aux SNP). Cette information a permis de fournir une meilleure estimation des surfaces cultivées avec des variétés améliorées (près de 13 % par empreinte génétique alors que les agriculteurs les estimaient à 24 %). Comme l'application de pratiques agronomiques adaptées est liée aux variétés, les erreurs d'identification peuvent avoir un impact négatif sur la production et sur le rendement obtenu avec le matériel cultivé. Il semble que les services de vulgarisation aient été un facteur déterminant dans l'adoption de variétés améliorées. En effet, là où l'identification des agriculteurs de variétés améliorées et la prévalence de ces dernières coïncident avec l'information ADN, on constate que ces régions ont été exposées aux services d'une vulgarisation active. Enfin, 60 cultivars de manioc uniques qui ne faisaient pas partie de la génothèque du CIAT ont pu être identifiés de cette manière. Cette identification a permis de mettre en évidence la diversité génétique de la culture en Amérique latine et d'étayer les stratégies à suivre pour la conservation *ex situ* et *in situ* ainsi que pour l'utilisation durable (Floro IV, in press).

La création plus rapide de meilleures variétés et de races animales ne conduit pas forcément à une exploitation durable de la diversité biologique ou ne contribue pas *a priori* au développement durable. Les variétés et les races améliorées doivent être incorporées dans des systèmes agricoles durables du point de vue économique, social et écologique. Cela nécessitera des progrès importants en matière d'agronomie, de gestion des eaux, de science des sols, d'écologie des paysages, d'analyse des marchés, de développement de la chaîne de valorisation, de sciences sociales, de vulgarisation et de systèmes semenciers intégrés.

### **Systemes d'information pour une exploitation durable**

Associé à des traits mesurés, le génotypage approfondi permet de chercher dans les collections le matériel génétique susceptible de contenir les éléments génétiques ou les traits et les caractéristiques souhaitées soit pour une utilisation directe dans la production soit pour une introduction dans des programmes de développement de nouvelles variétés. La mise au point d'un tel système d'information est critique pour faciliter l'exploitation des informations sur les séquences génétiques en plus d'autres données pertinentes pour contribuer finalement à une exploitation durable de la diversité biologique. De tels systèmes d'information sont actuellement développés au sein du CGIAR, mais aussi en dehors du CGIAR et ce, pour de nombreuses espèces cultivées (riz, maïs et banane pour n'en citer que quelques-unes). Deux exemples sont fournis dans l'encadré 14.





- g) Salaires et conditions préférentielles s'il en est convenu d'un commun accord ;
- h) Financement de la recherche ;
- i) Coentreprises ;
- j) Copropriété des droits de propriété intellectuelle pertinents.

2. Les avantages non monétaires peuvent comprendre ce qui suit sans y être limités :

- a) Partage des résultats de la recherche et de la mise en valeur ;
- b) Collaboration, coopération et contribution aux programmes de recherche scientifique et de mise en valeur, notamment aux activités de recherche biotechnologique, autant que possible dans la Partie qui fournit les ressources génétiques ;
- c) Participation au développement de produits ;
- d) Collaboration, coopération et contribution à l'éducation et à la formation ;
- e) Accès aux installations de conservation ex situ de ressources génétiques et aux bases de données ;
- f) Transfert, au fournisseur des ressources génétiques, des connaissances et technologies à des conditions équitables et qui soient les plus favorables, y compris à des conditions privilégiées et préférentielles s'il en est ainsi convenu, en particulier des connaissances et de la technologie qui utilisent les ressources génétiques, y compris la biotechnologie, ou qui ont trait à la conservation et à l'utilisation durable de la diversité biologique ;
- g) Renforcement des capacités en matière de transfert de technologie ;
- h) Renforcement des capacités institutionnelles ;
- i) Ressources humaines et matérielles nécessaires au renforcement des capacités pour l'administration et l'application des règlements d'accès ;
- j) Formation relative aux ressources génétiques avec la pleine participation des pays qui les fournissent et, autant que possible, dans ces pays ;
- k) Accès à l'information scientifique ayant trait à la conservation et à l'utilisation durable de la diversité biologique, y compris les inventaires biologiques et les études taxonomiques ;
- l) Apports à l'économie locale ;
- m) Recherche orientée vers les besoins prioritaires, tels que la sécurité alimentaire et la santé, compte tenu des utilisations internes des ressources génétiques dans la Partie qui fournit les ressources génétiques ;
- n) Relations institutionnelles et professionnelles qui peuvent découler d'un accord d'accès et de partage des avantages et des activités de collaboration ultérieures ;
- o) Avantages en matière de sécurité alimentaire et de moyens de subsistance ;
- p) Reconnaissance sociale ;
- q) Copropriété des droits de propriété intellectuelle pertinents.

### **Partage des avantages monétaires**

Les variétés végétales améliorées sont la source de bénéfices monétaires dont jouissent les agriculteurs à l'échelle du globe ; à une échelle plus large, elles contribuent à la croissance économique nationale et régionale. Comme il a été souligné plus haut, l'information sur les séquences génomiques devrait jouer un rôle de plus en plus important dans les efforts de mise au point des cultures à l'avenir et par extension dans les avantages monétaires pour les agriculteurs, les communautés, les entreprises et les pays.

Le TI-RPGAA établit les règles de partage des avantages monétaires qui s'appliquent à la plupart des travaux de recherche et développement dans lesquels le CGIAR est impliqué, y compris l'accès, la préservation, l'amélioration et la distribution de RPGAA aux bénéficiaires qui se trouvent en aval. Par extension, les bénéficiaires des RPGAA provenant des Centres du CGIAR sont également liés par les conditions relatives au partage des avantages du TI-RPGAA. En somme, le TI-RPGAA requiert des utilisateurs qu'ils versent 0,7 % du produit de la vente de semences de variétés végétales commercialisées qui incorporent du matériel accédé dans le cadre du système multilatéral si ce matériel n'est pas mis à la disposition de tiers pour la recherche ou une sélection ultérieure. Les paiements sont effectués au bénéfice du fonds fiduciaire pour le partage des avantages (BSF) et redistribués conformément aux décisions de l'Organe directeur du TI-RPGAA.

Le TI-RPGAA (à l'instar de la CDB et du Protocole de Nagoya) s'applique aux ressources génétiques et non pas à l'information sur les séquences génomiques *per se*. D'un côté, l'information sur les séquences génomiques ajoute de la valeur aux collections de RPGAA et les rend intéressantes à l'exploitation. Si ces collections sont soumises aux termes du système multilatéral, les conditions de partage des avantages s'appliquent au final aux variétés végétales qui sont mises au point et commercialisées si elles comportent du matériel génétique issu du système multilatéral, y compris celles qui sont hébergées et améliorées par le CGIAR. De l'autre, il est également possible que l'information concernant des séquences génétiques de matériel soumis au système multilatéral, intéressantes ou précieuses, fournisse aux utilisateurs les informations dont ils ont besoin pour identifier les mêmes séquences d'un matériel génétique qui lui n'est pas soumis au système multilatéral, ce qui leur permettrait de contourner les dispositions relatives au partage des avantages monétaires qui s'appliqueraient sans cela.

Les termes de l'accès et du partage des avantages stipulés dans le traité sont en cours d'examen, l'objectif étant de renforcer a) le flux des paiements des utilisateurs au BSF et b) l'étendue du matériel inclus dans le système multilatéral. Parmi les options considérées, citons la création d'un système de souscription dans lequel les utilisateurs de RPGAA devraient souscrire au système multilatéral pour un nombre fixe d'années (p. ex. 10 ans) durant lesquelles ils s'engageraient à effectuer des paiements au BSF sur la base de leurs ventes de semences, que leurs produits commercialisés contiennent ou non du matériel issu du système multilatéral. L'adoption de ce système pourrait avoir l'effet d'éliminer la distinction entre ressources génétiques matérielles et informations numériques génétiques pour ce qui est du partage des avantages monétaires. Que l'utilisateur accède ou non aux ressources qu'il utilise ou non du matériel génétique ou des données, cela n'aurait aucune importance tant qu'il répond à ses obligations de paiements vis-à-vis du système, sur la base des ventes effectuées.

Parmi d'autres raisons en faveur de l'option de la souscription, citons les défis liés à l'attribution des contributions des informations sur les séquences génétiques (et des ressources génétiques matérielles). Nous allons mettre en évidence trois exemples de scénarios dans lesquels de tels défis pourraient survenir.

Premièrement, de nombreux marqueurs peuvent contribuer à la définition des régions favorables du génome susceptibles de contenir de multiples gènes d'importance. Il existe de multiples options quant à

l'utilisation du marqueur moléculaire spécifique pour définir une telle région de génome. Dans ce cas, comment préférer une option à une autre ?

Deuxièmement, une variation de séquence favorable peut être présente dans plusieurs génotypes y compris des génotypes issus ou non du système multilatéral d'accès et de partage des avantages. Comment appréhender et attribuer une valeur à une séquence présente dans le domaine public qui se trouve donc en dehors des dispositions du Traité ?

Troisièmement, les traits complexes sont contrôlés par de multiples gènes dont l'interaction peut différer d'un environnement à l'autre. L'effet d'un gène sur un trait agronomique dépend des autres gènes qui se trouvent dans ce génome. La valeur commerciale d'un produit dépend donc de la combinaison spécifique des gènes et non pas simplement de la somme des effets de chaque gène. Dans ce contexte, comment les avantages monétaires peuvent-ils être ventilés ?

Voici quelques-uns seulement des nombreux défis que l'option de la souscription permettrait de résoudre si les paiements étaient effectués sur la base du chiffre d'affaires réalisé au travers de la vente d'espèces cultivées. Elle ne nécessiterait ni suivi ni repérage de l'utilisation de séquences génétiques particulières et de données de séquences génétiques dans le développement de nouveaux produits spécifiques à base de RPGPA. On espère que cette approche simplifiée permettra de supprimer les obstacles potentiels à l'utilisation de l'information sur les séquences génomiques. On espère également qu'une approche proactive permettra de développer et d'exploiter de nouvelles technologies pour la recherche et le développement agricole.

Une autre option qui semble rationnelle et directe du point de vue des organisations chargées de recherche et développement en matière de préservation, d'accès, de distribution et d'exploitation de ressources génétiques, une option qui cependant n'est pas favorisée par un certain nombre de parties contractantes, serait que les parties contractantes conviennent de verser elles-mêmes une certaine somme au BSF sur la base de toutes les ventes de semences effectuées sur leur territoire. Tous les utilisateurs dans ces pays bénéficieraient d'un accès facilité aux ressources génétiques dans le cadre du système multilatéral. Dans ce scénario, comme dans l'option de la souscription décrite plus haut, la distinction entre l'accès et l'exploitation des ressources génétiques matérielles et des données de séquences génétiques disparaîtrait pour des raisons pratiques ainsi que les défis liés à l'attribution, car les paiements au BSF refléteraient vraisemblablement la valeur que représente l'accès aux ressources génétiques ou aux données de séquences génétiques ou des deux à celui qui les commercialise.

### **Partage des avantages non monétaires**

Le *modus operandi* primaire du CGIAR vis-à-vis de sa mission consiste à créer des avantages non monétaires pour les pays en développement au travers de ses collaborations avec des partenaires dans ces pays. Il n'est donc pas surprenant que son travail lié à la génomique donne lieu à un certain nombre d'avantages non monétaires énumérés dans l'annexe du Protocole de Nagoya. Ces avantages sont souvent combinés, en fonction de la nature des projets et des partenariats impliqués.

Pour le CGIAR, les « avantages en matière de sécurité alimentaire et de moyens de subsistance » (annexe, point 2 (o)) tels qu'ils sont reproduits ci-dessous dans l'encadré 15 constituent l'avantage global le plus important résultant de l'exploitation par le CGIAR de l'information sur les séquences génomiques. Dans la section précédente, nous avons mis en évidence un certain nombre d'exemples où l'information génomique a joué ou est susceptible de jouer un rôle d'importance capitale dans la découverte de gènes et de combinaisons de gènes susceptibles de contribuer au développement de nouvelles variétés d'espèces cultivées et de races animales plus productrices, nutritionnelles, résistantes aux maladies, moins tributaires d'intrants chimiques et adaptées aux changements climatiques pour ne nommer que quelques facteurs. Tous ces éléments sont importants pour assurer la sécurité alimentaire et les moyens de subsistance des agriculteurs.

Étant donné que les technologies de séquençage de prochaine génération sont relativement récentes, et que les délais et les efforts requis pour développer de nouvelles variétés végétales et races animales sont considérables, il n'y a toujours pas beaucoup d'exemples de chaînes de recherche et développement pleinement développées qui partent de la génération de données de séquences brutes pour aboutir à des cultivars et des races homologués adoptés par les agriculteurs. Cependant, il est clair que les nouvelles méthodes d'amélioration qui reposent sur l'exploitation de données génomiques vont se répandre et qu'elles contribueront au développement de variétés de cultures et de races nouvellement adaptées et plus productrices essentielles pour l'agriculture durable. L'encadré 16 présente un cas concret dans lequel l'exploitation d'outils génomiques conduira à un produit susceptible d'avoir un impact considérable sur la santé de millions de personnes en Afrique subsaharienne.

**Encadré 16 : Promesse d'une biofortification du maïs grâce à la provitamine A au travers de la découverte de variantes génétiques naturelles**

Dans un projet financé entre autres par le Ministère de l'Agriculture des États-Unis, Harvest Plus, la Borlaug Fellowship, des chercheurs de CIMMYT et plusieurs autres institutions de recherche et d'éducation ont joint leurs efforts pour développer des cultures de maïs avec des niveaux améliorés des précurseurs de la vitamine A.<sup>8</sup> Le maïs est une culture de subsistance cruciale pour l'Afrique subsaharienne où la carence en vitamine A qui est chose courante peut conduire à la cécité et augmenter la vulnérabilité aux infections. Les chercheurs travaillent sur l'identification de la variation naturelle dans la teneur en caroténoïdes produite dans les grains de maïs au travers de l'analyse des associations, de la cartographie des liaisons génétiques, de l'analyse des expressions et de la mutagenèse dirigée. Il a été démontré que la variation naturelle sur un locus de lycopène cyclase affecte le flux le long de certaines voies des caroténoïdes qui affecte à son tour le développement des composés de provitamine A. La sélection des allèles avec des marqueurs moléculaires identifiés à l'aide de données relatives à la séquence permettra aux sélectionneurs de produire un grain de maïs dont la teneur en vitamine A sera améliorée, ce qui devrait avoir un effet de transformation sur l'état nutritionnel de millions de personnes en Afrique subsaharienne.

<sup>8</sup> Harjes et al. Natural genetic variation in *lycopene epsilon cyclase* tapped for maize biofortification. *Science* 319:330-33, 18 January 2008.

Un des défis liés à l'introduction de nouvelles technologies génomiques est d'assurer qu'elles sont utilisées de manière à contribuer au développement durable et à générer des avantages pour les pays en développement et les agriculteurs démunis de ressources dans ces pays. Le risque est que l'introduction de ces technologies profite plus aux pays développés qu'aux pays en développement et contribue à la perpétuation plutôt qu'à la diminution du fossé technologique qui sépare l'hémisphère nord de l'hémisphère sud. Pour assurer que les technologies de séquençage de nouvelle génération soient déployées au bénéfice des pays en développement, il est important que les organisations nationales de recherche agricole des pays en développement puissent participer comme de véritables partenaires à l'identification des défis et des courants de recherche et développement reposant sur la génomique.

Le transfert des technologies (annexe, article 2 f)), la coopération et la collaboration (article 2 b)), la formation (article 2 j)) et la formation (article 2 j)) sont des éléments essentiels pour assurer que les pays en développement ont bien les capacités d'utiliser et de profiter de ces technologies. Les encadrés 17, 18, 19, 20 et 21 présentent des cas dans lesquels la collaboration, le transfert de technologies, le partage des informations et la formation impliquant des Centres du CGIAR permettent aux organismes de recherche et autres acteurs dans les pays en développement d'augmenter leurs capacités pour pouvoir exploiter les ressources génomiques de manière efficace.

**Encadré 17 : La relève des défis que pose le changement climatique au travers de la cogénération et du transfert de technologies pour la caractérisation génétique et l'amélioration des espèces cultivées**

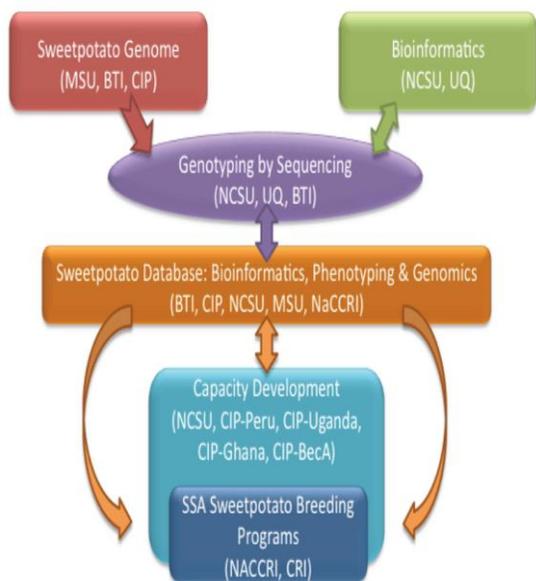
Le CIMMYT, l'ICARDA et l'IRRI travaillent en partenariat avec les organismes de recherche nationale de 13 pays en Afrique et en Asie du Sud pour cogénérer et partager des technologies pour la caractérisation génétique et l'amélioration assistée par marqueurs moléculaires du blé, de l'orge et du riz, en se concentrant sur les traits et allèles qui sont importants pour l'adaptation des cultures aux changements climatiques. Ces efforts sont déployés en ce moment dans le cadre de quatre projets financés par le fonds fiduciaire pour le partage des avantages du TI-RPGAA. La formation de chercheurs en biologie végétale, d'obteneurs et d'informaticiens issus des pays impliqués et d'autres pays cibles sur l'utilisation d'outils génomiques constitue un volet important de ces quatre projets.

**Encadré 18 : Amélioration des capacités des programmes de sélection africains pour incorporer les outils génomiques dans l'amélioration de la patate douce**

Le projet relatif aux outils génomiques pour la patate douce (GT4SP) est financé par la Fondation Bill et Melinda Gates et conduit par l'Université de la Caroline du Nord en partenariat avec le Centre international de la pomme de terre ; l'Institut Boyce Thomson à l'Université Cornell ; l'Université d'État du Michigan ; l'Université du Queensland, Brisbane (Australie) ; l'Organisation nationale pour la recherche agricole (Ouganda), l'Institut de recherche des ressources végétales (Ouganda) ; et le Conseil de recherche scientifique et industrielle chargé des espèces cultivées (Ghana).

Le projet a pour objet de mettre au point des outils génomiques, génétiques et bio-informatiques pour faciliter l'amélioration des espèces cultivées, mais aussi pour améliorer les gains génétiques chez la patate douce, une culture de rapport importante pour assurer la sécurité alimentaire, une culture

également reconnue pour son potentiel pour réduire la faim, la carence en vitamine A et la pauvreté en Afrique subsaharienne surtout pour les agricultrices qui détiennent de petites parcelles. Un des volets de ce projet (présenté dans la figure ci-dessous) porte sur le développement des capacités. Des ateliers traditionnels et des ateliers de formation par internet sont organisés par des organisations partenaires en Afrique pour faciliter l'accès et l'exploitation des marqueurs moléculaires dans la sélection.



#### Encadré 19 : Partenariats et développement des capacités au travers de MasAgro Biodiversida du CIMMYT

L'initiative Seed (Seeds of Discovery) de MasAgro Biodiversida du CIMMYT a pour objet d'augmenter l'utilisation équitable et effective des ressources génétiques du maïs et du blé dur et le partage des avantages découlant de ces céréales conservées dans les germoplasmes. Une plateforme de germoplasme accessible au public, de données, d'outils et de services est actuellement mise en place au travers de partenariats public-privé qui apportent de l'expertise et des ressources au projet. Le renforcement des capacités qui inclue les projets de thèse d'étudiants, les ateliers techniques, les scientifiques invités et les logiciels disponibles au public forme la pierre angulaire d'une stratégie pour améliorer et étendre les impacts du projet et fournir un cadre équitable pour l'innovation scientifique et le partage des avantages.

À partir de 2016, des appels de propositions publics ont été lancés par des scientifiques mexicains pour inviter les chercheurs à participer au projet MasAgro Biodiversidad soit en interne soit en externe en travaillant sur des objectifs spécifiques, définis par l'utilisateur afin de renforcer les programmes des utilisateurs. En 2016, onze propositions ont été reçues. Cinq ont été mises en œuvre. Parmi les sujets retenus, citons la caractérisation de la résistance à la rouille jaune des accessions de blé mexicain ; la caractérisation génomique des accessions de maïs de la génothèque de l'Université de Guadalajara ; la mise au point et la validation de modèles informatiques pour sélectionner des

accessions de germothèque sur la base de fréquence allélique ; les ressources génétiques pour le maïs fourrager des régions montagneuses mexicaines ; et l'analyse des races primitives du maïs dont le grain est pigmenté. Les scientifiques provenaient de trois universités et de l'Institut mexicain de recherche agricole (INIFAP). En 2017, neuf propositions ont été reçues. Huit sont actuellement mises en œuvre. Les sujets abordés sont la cartographie des traits associés à l'adaptation aux régions montagneuses au Mexique central ; l'identification des régions génomiques du popcorn mexicain « Palomero Toluqueño » associé à l'adaptation aux régions montagneuses ; la qualité nutritionnelle du maïs ; l'identification de modèles hétérotiques pour les lignées de maïs d'une PME ; l'identification des marqueurs moléculaires associés à l'expansion (qualité de l'éclatement des grains) chez le popcorn ; la recherche de sources de résistance à la carie de Karnal chez le blé ; et deux projets portant sur la diversité génomique du café. Les scientifiques viennent de trois universités, un institut de recherche public, une entreprise privée de semences et l'Institut mexicain de recherche agricole (INIFAP). Les deux projets relatifs au café sont particulièrement passionnants, car les scientifiques mexicains ont obtenu des moyens de financement et ont demandé au CIMMYT de les aider à mettre en œuvre un projet similaire au projet MasAgro Biodiversidad pour les aider à caractériser la diversité que l'on trouve dans la collection de germoplasme du café mexicain.

En plus des appels annuels de propositions, sept institutions, l'Université nationale du Mexique (UNAM, Mexique), l'antenne de l'institut national de recherche agronomique (INIFAP, Mexique) située dans l'État de la Sinaloa, le Centre national de ressources génétiques (CNRG, Mexique), le Centre de formation supérieure et de recherche sur l'agriculture tropicale (CATIE, Costa Rica), le Centre international de recherche agricole en zones arides (ICARDA, Mexique), l'Institut international d'agriculture tropicale (IITA), une PME mexicaine spécialisée dans les semences, ont utilisé les services de génotypage dispensés dans le cadre du projet MasAgro Biodiversidad afin de perfectionner leur propre recherche. Près de 300 scientifiques et techniciens ont participé à divers ateliers techniques et 34 étudiants ont choisi les sujets proposés par MasAgro Biodiversidad pour écrire leur thèse.

#### **Encadré 20 : Exemples de programmes de renforcement des capacités menés par les Centres du CGIAR**

##### **Formation d'obtenteurs au travers de l'Académie africaine de phytogénétique de l'ICRAF-AOCC**

En collaboration avec l'Université de Californie à Davis, l'AOCC et l'ICRAF ont créé l'Académie africaine de phytogénétique (AfPBA) qui s'occupe de la formation de 120 obtenteurs sur une période de 5 ans (2015-2020). 25 obtenteurs sont formés chaque année. À l'heure actuelle, 50 obtenteurs ont été formés et 25 sont en cours de formation. Le programme comprend un processus inclusif de sélection qui tient compte des diverses régions, genres et différentes espèces cultivées notamment des cultures orphelines et des arbres orphelins. Pour de plus amples informations, visitez le site <http://africanorphancrops.org/africa-plant-breeding-academy/>.

##### **Renforcement des capacités en Afrique en matière de zoogénétique quantitative et de génomique**

Chaque année, le pôle BecA-ILRI (Biosciences Eastern and Central Africa et l'Institut international de recherche sur l'élevage) organise un cours sur la zoogénétique quantitative et la génomique. Le pôle a pour objet de renforcer les capacités de la communauté scientifique africaine en matière d'appréhension et d'application des méthodes liées à la génétique quantitative et à la génomique pour soutenir la recherche visant l'amélioration des produits agricoles et la sécurité alimentaire dans la

région. Dispensé sur 10 jours, ce cours sur la zoogénétique et la génomique vise des individus provenant d’Afrique centrale et orientale, affiliés soit à un programme de recherche national soit à une université dans les pays cibles. Ce cours est tenu sur le campus ILRI à Nairobi. Certains participants bénéficient d’une bourse pour suivre le cours. Le cours comprend, entre autres, des cours magistraux et des travaux pratiques sur la génétique des populations, les modèles linéaires mixtes, les marqueurs génétiques, les études d’association à l’échelle génomique (GWAS), la sélection génomique. Les participants reçoivent également des cours de programmation.

### **Plateforme d’apprentissage en ligne, libre et ouverte à tous pour accélérer la mise au point de variétés de blé et de maïs améliorées**

Une plateforme d’apprentissage en ligne a été créée en partenariat avec l’Initiative Seeds of Discovery (SeeD) du CIMMYT (Mexique), l’Institut national de botanique agricole (NIAB, Cambridge, Royaume-Uni) et Diversity Arrays Technology Pty (Canberra, Australie). Cette plateforme comprend des modules d’enseignement à distance théoriques et pratiques sur la façon d’améliorer l’utilisation de la diversité génétique chez le blé et le maïs. Les modules en ligne sont accessibles gratuitement pour tous ceux qui s’y intéressent. Le premier module porte sur la théorie des données génotypiques, leur importance pour la diversité génétique, les modes d’utilisation ainsi que les technologies utilisées pour générer et analyser les données. Le deuxième module porte sur l’utilisation pratique de KDSmart, une application Android qui permet de saisir les informations relatives aux traits physiques (données phénotypiques) des variétés de blé et de maïs sur le terrain. Ces modules se conjuguent à des vidéos qui montrent comment les modules permettent aux utilisateurs de résoudre les problèmes rencontrés durant leur recherche et d’expliquer les objectifs et les résultats de l’Initiative Seeds of Discovery. La création de la plateforme et des modules s’est fondée sur le besoin d’atteindre un plus grand nombre de chercheurs. En effet, les ateliers et les cours de type classique offerts par SeeD sur l’analyse de la diversité génétique, la sélection et l’exploitation de jeux de données et de logiciels dispensés ne permettent d’atteindre qu’un nombre limité de participants. Les modules s’adressent aux étudiants du troisième cycle, aux chercheurs, aux phytogénéticiens et aux universitaires. Rédigés au départ en espagnol pour répondre aux besoins de renforcement des capacités des utilisateurs au Mexique et en Amérique latine, ces modules sont désormais disponibles en anglais afin d’atteindre une cible plus large de personnes intéressées à la caractérisation et à l’exploitation de la diversité génétique.

Pour de plus amples informations, visitez le site :

<http://seedsofdiscovery.org/new-online-learning-platform-offers-capacity-development-for-all/>

### **Encadré 21 : Uniformisation des règles du jeu dans l’exploitation des informations génomiques numériques au travers du service SAGA du CIMMYT**

Le service SAGA (service d’analyse génétique pour l’agriculture) offert dans le cadre du projet SeeD est financé par le gouvernement mexicain et mené par le CIMMYT depuis 2011. Ce service a eu recours à la technologie DArT pour caractériser la totalité de la collection de maïs détenue par le CIMMYT (soit environ 29 000 accessions) et approximativement 40 % de ses 150 000 accessions de blé. Des institutions publiques et privées, p. ex. UNAM (Mexique), INIFAP-Sinaloa (Mexique), CNRG (Mexique), CATIE (Costa Rica), ICARDA (Mexique), IITA (Mexique) ainsi qu’un semencier mexicain ont utilisé les services de génotypage dispensés dans le cadre du projet SeeD afin de perfectionner leur propre recherche. De nombreux chercheurs mexicains travaillent avec SeeD pour répondre à leurs besoins spécifiques (p. ex. la tolérance à la chaleur ou à la sécheresse, la résistance aux maladies) et saisir la possibilité d’améliorer les qualités nutritionnelles, la productivité fourragère au sein de leurs propres projets. Pour ce qui est du

renforcement des capacités dans le domaine de la recherche agricole au Mexique, plusieurs institutions publiques et entreprises privées ont profité de la formation dispensée à 267 personnes au travers de 18 ateliers techniques. Des étudiants de différents niveaux (18 candidats au doctorat, 10 à la maîtrise et 15 à la licence) ont rédigé ou sont en train de rédiger leur mémoire ou leur thèse sur des sujets pertinents à l'agriculture, avec le soutien de SeeD.

Assurer que les variétés améliorées et les sélections sont bel et bien utilisées par les agriculteurs constitue un autre défi à relever - ce défi se situant bien en aval de la chaîne de R&D. Tous les programmes d'amélioration d'espèces cultivées et d'animaux (y compris ceux qui intègrent l'utilisation des informations sur les séquences génomiques) connaissent cette problématique. Si les agriculteurs ne disposent pas de semences de qualité de variétés améliorées, tous les efforts de recherche menés en amont deviennent caducs et ne profitent à personne. Faire l'énumération de tous les facteurs susceptibles de conduire à une telle situation (systèmes semenciers médiocres, vulgarisation inefficace, sous-investissements, manque de liens avec les marchés) dépasserait le cadre de cette présentation. Cependant, il est important de souligner qu'il s'agit là de sujets essentiels puisqu'ils ont un impact sur le partage des avantages susceptibles de découler de l'utilisation des informations sur les séquences génétiques dans le cadre de la sélection.

Le partage des résultats de recherche est lui aussi un avantage crucial (point b) de l'article 2). Il en est de même de l'accès aux installations de conservation *ex situ* de ressources génétiques et aux bases de données (point e) de l'article 2). Bien entendu, les données relatives à la séquence génétique sont le résultat d'une recherche comme le sont les marqueurs, les informations relatives aux QTL, aux traits et aux plateformes génomiques qui sont développés pour faciliter d'autres recherches.

La politique du CGIAR consiste à traiter tous les résultats de recherche comme des biens publics, mis à la disposition de tous pour qu'ils soient exploités par tous. Le CGIAR a adopté une politique relative à la gestion des actifs intellectuels en 2012 et une politique de libre accès en 2013. Ces deux politiques soulignent bien cette approche fondamentale. La politique relative aux actifs intellectuels permet aux centres de restreindre l'accès aux actifs intellectuels si cela est nécessaire pour le développement ou la dissémination de cet actif dans la poursuite de la mission que s'est fixée le CGIAR. Cependant, même si de telles restrictions sont justifiées, la politique stipule que l'actif doit rester disponible aux organisations publiques dans les pays en développement pour la recherche et la sélection.

Les Centres du CGIAR partagent les informations relatives aux ressources génétiques dans les collections internationales qu'ils détiennent au travers de leurs propres bases de données ainsi qu'au travers de GRIN-Global et Genesys. Une initiative importante du CGIAR est sa participation dans la création du système d'information globale sur les ressources phylogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture (GLIS) dans le cadre du TI-RPGAA. Finalement, dans le cadre de GLIS, les gènothèques du CGIAR pourront délivrer des identificateurs d'objets numériques (ION) pour toutes les ressources génétiques maintenues dans les collections de RPGAA internationales. Ces ION permettront de s'assurer que les résultats de

recherche y compris la recherche génomique, sont associés à des RPGAA détenues par les Centres pour leur préservation et leur dissémination à la communauté internationale dans le cadre du TI-RPGAA.

Comme c'est le cas pour les espèces cultivées, les informations sur les séquences génomiques pourraient jouer un rôle important dans les efforts visant l'élevage et l'amélioration animale ainsi que l'accroissement en parallèle des avantages découlant de l'élevage et de l'aquaculture, avantages qu'il convient de partager avec les agriculteurs, les communautés, les entreprises et les pays impliqués. Les échanges de germoplasmes d'animaux se font surtout de l'hémisphère nord vers l'hémisphère nord, de l'hémisphère nord vers l'hémisphère sud et dans une certaine mesure de l'hémisphère sud vers l'hémisphère sud, mais pratiquement jamais de l'hémisphère sud vers l'hémisphère nord. Les stratégies de sélection visant les pays en développement ont besoin de s'adapter aux particularités et aux besoins des systèmes de petits exploitants là où les sélections locales ont le potentiel le plus grand de contribuer au développement rural. Dans ce scénario, on s'attend à ce que le partage des avantages non monétaires ait un impact plus grand, notamment s'il se concentre sur le soutien des communautés qui conservent des sélections spécifiques et des écosystèmes agricoles et s'il facilite les programmes communautaires de sélection adaptés aux communautés (Köhler-Rollefson et Meyer. 2015; Marshall, K. et al. 2009).

---

## Ouvrages cités

- Collard, B.C., Mackill, D.J. 2008. Marker-assisted selection: an approach for precision plant breeding in the twenty-first century. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci.* 12; 363(1491):557.
- Floro IV, V., Labarta, R., Becerra López-Lavalle, L. A., Martínez, J. M. and Ovalle, T. M. 2017. Household determinants of the adoption of improved cassava varieties using DNA fingerprinting to identify varieties in farmer fields: A case study in Colombia. *Journal of Agricultural Economics*, In Press.
- Hawkes J. G. 1990. *The potato: evolution, biodiversity and genetic resources*. Belhaven Press, Oxford, UK.
- ISAAA. 2016. *Global Status of Commercialized Biotech/GM Crops: 2016*. ISAAA Brief No. 52. ISAAA: Ithaca, NY.
- Jianlin, H., Ochieng, J.W., Lkhagva, B. and Hanotte, O. 2004. Genetic diversity and relationship of domestic Bactrian camels (*Camelus bactrianus*) in China and Mongolia. *Journal of Camel Practice and Research* 11(2): 97.
- Kidane, Y., Mancini, C., Mengistu, D., Frascaroli, E., Fadda, C., Pè, M. E., and Dell'Acqua, M. 2017. Genome Wide Association Study to Identify the Genetic Base of Smallholder Farmer Preferences of Durum Wheat Traits. *Front. Plant Sci.* 8:1230.
- Köhler-Rollefson, I. and Meyer, H. 2015. *Access and Benefit-sharing of Animal Genetic Resources*. Bonn: The ABS Capacity Development Initiative. Ober-Ramstadt: The League of Pastoral People and Endogenous Livestock Development.

- Marshall, K., Quiros-Campos, C., van der Werf, J.H.J., Kinghorn, B. 2009. Marker-based selection within small-holder production systems in developing countries. *Livestock Science*. 136 (1)
- McCouch, S. et al. 2016. Open access resources for genome-wide association mapping in rice. *Nature communications*. 7
- McCouch, S. McNally, K.L., Wang, W. and Sackville Hamilton, R. 2012. Genomics of gene banks: A case study in rice. *Am J Bot.*, 99 (2):407
- McNally, K.L. et al. 2009. Genomewide SNP variation reveals relationships among landraces and modern varieties of rice. *Proc Natl Acad Sci U S A.*,106(30):12273
- Ogbonnaya, F. C., Imtiaz, M., DePauw, R. M., 2007. Haplotype diversity of preharvest sprouting QTLs in wheat. *Genome*. 50(2):107.
- Pandey, M. K. et al. 2014. Genomewide Association Studies for 50 Agronomic Traits in Peanut Using the 'Reference Set' Comprising 300 Genotypes from 48 Countries of the Semi-Arid Tropics of the World. *PLoS ONE*. 9(8)
- Petolino, J. F., Srivastava, V., Daniell, H. 2016. Editing Plant Genomes: a new era of crop improvement. *Plant Biotechnology Journal*. 14 (2): 435
- Puchta, H. 2017. Applying CRISPR/Cas for genome engineering in plants: the best is yet to come. *Current Opinion in Plant Biology*. 36:1–8
- Romero Navarro et al. 2017. A study of allelic diversity underlying flowering-time adaptation in maize landraces. *Nature Genetics*. 49: 476
- Ruas, M., et al. 2017. MGIS: managing banana (*Musa* spp.) genetic resources information and high-throughput genotyping data. *Database*, Volume 2017
- Russell, N. 2015. Genome Editing: as Easy, Useful and Safe as it sounds? At <http://blog.ciat.cgiar.org/genome-editing-as-easy-useful-and-safe-as-it-sounds/> (visited on 21 September 2017)
- Tushemereirwe, W. et al. 2016. A Genome-Wide Association Study on the Seedless Phenotype in Banana (*Musa* spp.) Reveals the Potential of a Selected Panel to Detect Candidate Genes in a Vegetatively Propagated Crop. *PLoS ONE*. 11(5)
- Schiml S. and Puchta, H. 2016. Revolutionizing plant biology: multiple ways of genome engineering by CRISPR/Cas. *Plant Methods*. 12:8
- Upadhyaya, H. and Ortiz, R. 2001. A mini core subset for capturing diversity and promoting utilization of chickpea genetic resources in crop improvement. *R. Theor Appl Genet*. 102: 1292.

Upadhyaya, H. et al. 2016. Association mapping of germinability and seedling vigor in sorghum under controlled low-temperature conditions. *Genome*. 59(2):137

Valdés, S., D. Marín, G. Delgado, M. Prías, M. Endo, T. Seiichi M. Ishitani, P. Chavarriaga, J. Tohme. *Editing the genome of rice (IR64) to remove selectable markers*. Ninth Latin American and Caribbean Agricultural and Forestry Biotechnology Meeting "IX Encuentro REDBIO 2016-PERU". June 27 - July 1, 2016. Lima- Perú

Vikram, P. et al. 2016. Unlocking the genetic diversity of Creole wheats. *Hung. Dém.* 6: 23092.

Wolfe, M. D. et al. 2016. Genome-Wide Association and Prediction Reveals Genetic Architecture of Cassava Mosaic Disease Resistance and Prospects for Rapid Genetic Improvement. *Plant Genome*. 9(2)

Yang, X. S. et al. 2011. Gene expression biomarkers provide sensitive indicators of in planta nitrogen status in maize. *Plant Physiol.* 157(4):1841-52

Zhao, K. et al. 2011. Genome-wide association mapping reveals a rich genetic architecture of complex traits in *Oryza sativa*. *Nat Commun.* 13; 2: 467.

---

<sup>i</sup> Ce document a été élaboré par une équipe de base regroupant Michael Halewood (Bioversity), Isabel Lopez Noriega (Bioversity), Dave Ellis (CIP), Carolina Roa (CIAT), Mathieu Rouard (Bioversity) et Ruairaidh Sackville Hamilton (IRRI). Parmi les autres contributeurs, citons Matthew Morell (IRRI), Marianne Banziger (CIMMYT), Etienne Duveiller (Africa Rice), Hari D Upadhyaya (ICRISAT), Kevin Pixley (CIMMYT), Theresa Gresl (CIMMYT), Marie-Noëlle Ndjiondjop (Africa Rice), Michael Abberton (IITA), Peter Wenzl (CIAT), Alice Muchugi (ICRAF), Elise Perset (SMO), Prasad Hendre (ICRAF), Marianne Yazbek (ICARDA), Hugo Campos (CIP), Carlo Fadda (Bioversity) et Rajneesh Paliwal (IITA).