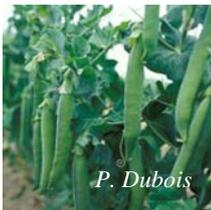


Estimation de la diversité des variétés inscrites au Catalogue français des espèces agricoles cultivées

Réflexions préalables à la mise en place d'indicateurs de la diversité génétique disponible

Synthèse



*Recherche ayant bénéficié d'un financement du Ministère de l'Agriculture,
de l'Alimentation, de la Pêche et de la Ruralité
(Direction des Politiques Economique et Internationale)
Référence : MAAPR 04F5 0301*

Auteurs : Valérie Cadot, Valérie, Le Clerc, Mathilde Canadas, Edith Belouard, Caroline Foucher, Etienne Richard

Participation de : F. Boulineau, Daniel Guérin, Joelle Lallemand, J.M. Retailleau, C. Collonnier

GEVES Brion
Domaine de la Boisselière
49250 Brion
E-mail : valerie.cadot@geves.fr



Septembre 2006

Le contenu du présent document n'engage que la responsabilité de ses auteurs.

Remerciements

En premier lieu, nous remercions le Ministère de l'Agriculture, de l'Alimentation, de la Pêche et de la Ruralité et le Bureau de la sélection végétale et des semences pour avoir confié cette étude au GEVES, sur une proposition de Marie-Anne Vautrin.

En second lieu, nous souhaitons remercier la direction du GEVES qui a permis de mettre en œuvre tous les moyens techniques et financiers nécessaires à la réalisation de cette étude.

Nous voudrions également remercier toutes les personnes qui nous ont aidées au cours de ce travail effectué entre 2004 et 2006.

- *Les membres du Comité de Pilotage pour avoir accepté de suivre cette étude.*
- *Daniel Guérin et François Boulineau, pour nous avoir fourni respectivement les bases de données DHS (Distinction, Homogénéité, Stabilité) des espèces maïs et pois et nous avoir assisté et conseillé pendant le suivi de notre étude.*
- *Joelle Lallemand pour nous avoir fourni les bases de données enzymatique sur le maïs et le pois ainsi que pour son soutien, ses questionnements et ses conseils tout au long de l'étude.*
- *Jean-Michel Retailleau pour son aide informatique ainsi que pour sa contribution ponctuelle à cette étude.*
- *Martine Franck et Cécile Collonnier pour leur coopération scientifique et administrative.*
- *Mme Dattée pour ses encouragements prodigués après le premier comité de Pilotage.*
- *Alain Charcosset et Christine Dillmann, pour leurs réflexions et conseils scientifiques ponctuels.*
- *Yves Barrière pour avoir accepté de relire et corriger l'article scientifique sur ce sujet.*
- *Mustapha El Qannari et Dominique Bertrand pour nous avoir conseillés dans les méthodes statistiques concernant les analyses multidimensionnelles.*
- *Tous les collègues du GEVES du maïs et du pois ainsi que l'équipe de Brion pour leur participation à des réunions de préparation ou pour avoir fourni des renseignements techniques.*
- *Philippe Silhol du GNIS pour nous avoir fourni des données de la base de données du GNIS afin de nous aider à traiter les indicateurs n° 9 et n°10.*
- *Claire Doré pour son aide sur la bibliographie des espèces cultivées.*
- *Les responsables techniques d'espèces DHS du GEVES pour avoir bien voulu nous accorder du temps pour obtenir des renseignements techniques.*
- *Les responsables de réseaux de ressources génétiques pour avoir pris le temps de répondre à nos questions.*
- *Et enfin, Mr Philippe Gracien, Directeur Général du GNIS, pour son aide financière lors de la rédaction de l'article proposé au journal Theoretical Applied Genetics.*

SOMMAIRE

Remerciements	1
Sommaire	2
Résumé	3
Contexte de l'étude	4
I. Bibliographie sur les indices et indicateurs de diversité génétique	4
1. Indices de diversité génétique	4
A. Les marqueurs utilisés	4
B. Méthodes d'estimation des indices de diversité génétique	5
1. Mesures de la diversité génétique	5
2. Distances génétiques entre variétés	5
C. Etudes sur la diversité temporelle	5
2. Indicateurs de diversité génétique	6
II. Analyse de la diversité génétique des variétés de maïs et de pois inscrites au Catalogue français	6
A. Présentation du matériel et de la démarche adoptée sur pois et maïs	6
1. Le matériel végétal	6
2. Constitution des décades :	7
3. Données phénotypiques et enzymatiques	7
B. Résultat des analyses	7
1. Données phénotypiques	7
2. Données enzymatiques :	10
3. Influence du type de marqueurs sur l'analyse de la diversité	12
III. Présentation de 10 indicateurs de la diversité des espèces cultivées en France :	13
A. Évolution de la diversité au Catalogue français ou diversité commercialisable	13
1. Evolution du nombre d'espèces au sein du Catalogue français des espèces et variétés depuis 1933	13
2. Evolution du nombre de variétés inscrites au sein du catalogue français des espèces et variétés depuis 40 ans	13
3. Augmentation du nombre de rubriques officielles et de catégories pour classer les inscriptions	14
4. Renouvellement des variétés inscrites au Catalogue	14
5. Evolution des structures génétiques : montée en puissance des hybrides F1 au détriment des autres structures	15
6. Évolution des caractères DHS et VAT : augmentation des tests de résistance aux maladies et du nombre de caractères VAT	15
B. Diversité conservée	16
7. Nombre d'entrées en Collections nationales : 17 réseaux avec plus de 10 800 entrées	16
8. Evolution du nombre de variétés en collection de référence : plus de 28 000 variétés pour les grandes cultures et les espèces potagères dans la collection de référence du GEVES	16
C. Evolution de la diversité cultivée	17
9. Part de production des 5 premières variétés cultivées en France : diminution de la part des variétés les plus produites de 20% en 20 ans	17
10. Augmentation du nombre de variétés multipliées	17
BILAN SUR LES INDICATEURS	18
Conclusion	19
TABLEAUX	21
FIGURES	41
Références bibliographiques :	47

Résumé :

L'objectif de cette étude est de tester des indicateurs permettant d'évaluer la diversité disponible au Catalogue officiel français des espèces agricoles et son évolution depuis sa création.

La première partie de cette étude a consisté à faire une étude bibliographique sur les méthodes utilisées d'évaluation de la diversité génétique et des indices utilisés pour caractériser son évolution : le cas du blé en France a été étudié. Les études consultées montrent que si la variabilité présente au sein des catalogues est généralement plus faible que de celle des variétés population antérieurement cultivées, on ne constate pas de réduction de diversité au sein des catalogues voire même une augmentation de celle-ci par incorporation de nouvelles sources de variation. On constate également un déplacement de la diversité utilisée au sein des catalogues dans le temps (nouveaux croisements).

Une liste d'indicateurs à tester est proposée pour la troisième partie de l'étude.

La deuxième partie de l'étude a consisté à étudier l'évolution de la diversité temporelle des variétés au Catalogue officiel français de deux espèces modèles : le maïs et le pois, à partir de 1990 lignées de maïs et 578 variétés de pois inscrites ou ayant été inscrites au catalogue. A partir des données morphologiques et enzymatiques, la diversité phénotypique et génétique fut évaluée pour chaque période en calculant plusieurs indices, tels que l'indice de diversité génétique de Nei, le nombre de classes pour chaque caractère, la richesse allélique. Des paramètres de différenciation des populations (Gst, Fst, Qst) furent aussi estimés entre ces périodes. Alors que la diversité génétique calculée à partir des marqueurs phénotypiques est plus élevée pour le maïs (0,66) que pour les pois potagers (0,35) ou pour les pois protéagineux (0,29), l'inverse est observé sur les marqueurs enzymatiques avec une diversité génétique de 0,43, 0,35 et 0,22 respectivement pour les pois potagers, les protéagineux et le maïs. Cependant, aucun changement significatif de diversité génétique ne fut observé dans le temps et la différenciation génétique est faible entre périodes. Les résultats montrent qu'il n'y pas eu de réduction significative de la diversité disponible pour les producteurs agricoles depuis l'ouverture du Catalogue français, mais un déplacement de la diversité exploitée, démontré à partir des ellipses de tolérance. L'indice de diversité de Nei est apparu comme un bon indicateur pour fournir une estimation quantitative de la diversité génétique mais devra être interprété en lien avec la richesse allélique ou le nombre de classes pour les caractères morphologiques.

La troisième partie du travail a porté sur l'étude de dix indicateurs, permettant de juger de l'évolution de 3 types de diversité : la diversité commercialisable (ie proposée au Catalogue français), la diversité utilisable (ie conservée dans les collections de ressources génétiques) et la diversité cultivée. Il en ressort globalement une augmentation de la diversité commercialisable et commercialisée, avec 135 espèces répertoriées au Catalogue français en 2004 et plus de 7 800 variétés dont près de 4200 variétés pour les grandes cultures, plus de 2200 pour les espèces potagères et plus de 1400 pour les espèces fruitières et la vigne. Le développement rapide des hybrides et leur suprématie au Catalogue pour certaines espèces, comme le maïs, le tournesol, la tomate, le chou-fleur (...), a entraîné la radiation des populations dont une partie a pu être sauvegardée lors de la mise en place des réseaux de conservation de ressources génétiques à la fin des années 1990. La diversité conservée englobe les collections de référence du GEVES avec, en 2005, plus de 28000 variétés et 41 773 lots, ainsi que les Collections nationales de 17 réseaux de ressources génétiques, coordonnées par le Bureau des Ressources génétiques, comprenant plus de 10 800 entrées. Enfin, l'étude de la diversité cultivée, principalement réalisée sur les grandes cultures, a montré que la part de production des 5 premières variétés cultivées a diminué d'environ 20% au cours de ces 20 dernières années et que le nombre de variétés multipliées a augmenté. La diversité cultivée reste cependant inférieure à la diversité commercialisable disponible.

Contexte de l'étude :

Le système d'inscription des variétés aux catalogues des espèces cultivées en France et en Europe est très souvent accusé de réduire la variabilité génétique pour les utilisateurs, qu'ils soient agriculteurs ou amateurs.

Par ailleurs, la mise en œuvre des conventions internationales et, en particulier, des accords multilatéraux sur l'environnement (Convention sur la diversité biologique, Commission des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture de la FAO, ...) impliquent la réalisation de rapports nationaux et internationaux sur la diversité génétique étayés d'arguments scientifiques solides. Aucune étude synthétique axée sur ce sujet n'était à ce jour disponible, concernant la diversité génétique commercialisable.

Objectif principal : L'objet de cette étude, demandée par le Ministère de l'Agriculture au GEVES, consiste donc à effectuer une revue bibliographique sur les indicateurs de diversité, à étudier certains des indicateurs sur deux espèces cultivées (pois et maïs) et tester des indicateurs pertinents pour estimer l'évolution de la diversité génétique des variétés inscrites au Catalogue français des espèces cultivées.

Cette étude a comporté 3 volets dont les principaux résultats sont présentés ici :

- 1) Une bibliographie sur les indices génétiques et phénotypiques ainsi que sur les indicateurs de diversité génétique (traitée en 2004).
- 2) L'analyse de la diversité génétique des variétés de maïs et de pois inscrites au Catalogue français (traitée en 2004-2005).
- 3) La présentation de 10 indicateurs sur la biodiversité des espèces cultivées en France (traitée en 2005-2006).

I. Bibliographie sur les indices et indicateurs de diversité génétique

1. Indices de diversité génétique

En ce qui concerne les indices, la bibliographie porta sur les marqueurs et les méthodes utilisés pour estimer la diversité génétique ainsi que sur les résultats concernant les études sur l'évolution temporelle de la diversité.

A. Les marqueurs utilisés

Les marqueurs phénotypiques ont été exploités sur diverses espèces (blé, orge, seigle, maïs, riz, chou-fleur). Les caractères qualitatifs représentent de bons marqueurs de diversité en permettant souvent une interprétation directe au niveau allélique en raison d'une base génétique simple (mendélien, mono ou oligogénique). De plus, ils ne sont pas influencés par le milieu. En revanche, les caractères quantitatifs représentent de moins bons estimateurs de la diversité, en raison d'une base génétique complexe et de l'influence de l'environnement. Les caractères à forte héritabilité (avec une variance faible due à l'environnement) seront préférés.

Les marqueurs biochimiques traduisent directement l'activité des gènes et sont généralement, des isozymes ou des protéines de réserve. Les isozymes restent encore très utilisés.

Les marqueurs moléculaires se développent rapidement et les plus utilisés en raison de leur fiabilité et leur précision de réponse sont les SSR (Simple Sequence Repeats ou microsatellites). Les autres marqueurs utilisés sont les ISSR (Inter Simple Sequence Repeats), les RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA), les AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism), les RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) et plus récemment les SNP (Single Nucleotide Polymorphism) (Santoni *et al*, 2000).

Les avantages et inconvénients de chaque marqueur ont été listés. Les meilleurs outils d'analyse de la variabilité sont ceux qui reflètent au mieux le génotype, indépendamment de l'environnement. Ces marqueurs mettent en évidence des polymorphismes neutres ou résultant de la pression de sélection. **Le choix des marqueurs utilisés est donc déterminant quant aux informations obtenues sur la diversité mesurée.**

B. Méthodes d'estimation des indices de diversité génétique

1. Mesures de la diversité génétique

a. Diversité génétique intrapopulation

Actuellement, dans les études de diversité intra-population, les indices les plus utilisés pour les données moléculaires, sont le nombre de *loci* polymorphes, la richesse allélique et la diversité génétique de Nei (ou PIC : Polymorphic Information Content).

b. La différenciation entre populations (Gonzales-Candelas et Palacios, 1995)

Le degré de différenciation entre populations dépend de manière étroite de l'ancienneté de la séparation des populations et des flux de gènes entre celle-ci.

Pour décrire la diversité génétique des populations, Wright (1951) a développé l'indice F_{ST} qui représente la différenciation des populations par rapport à la population globale pour des sites dialléliques. Lorsque les loci sont multialléliques, on utilise une généralisation de cet indice, dénommé G_{ST} de Nei (1973).

$G_{ST} = \frac{D_{ST}}{H_T}$; D_{ST} étant la différenciation interpopulations et H_T représentant la diversité totale.

La différenciation s'avère relativement indépendante des marqueurs considérés. Elle dépend principalement de la taille des populations et du taux de migration. D'autre part, G_{ST} est indépendant du nombre d'allèles du marqueur analysé (Mc Donald, 1994, cité par Kremer, 1998).

2. Distances génétiques entre variétés

Diverses méthodes de calcul de distances sont utilisées selon le type de données (morphologiques ou moléculaires), la nature du caractère (continu ou discret), les caractères utilisés et la structure variétale (homogène ou hétérogène).

Ainsi sont utilisées pour les caractères quantitatifs : distance euclidienne, distance de Mahalanobis ; pour les fréquences alléliques : distance de Rogers, distance de Nei,...et pour les données discrètes : distance du χ^2 .

Beaucoup d'études de diversité temporelles ont porté sur l'approche de la distance par l'étude de la généalogie, avec le Coefficient de parenté Phi, COP (Malecot, 1948). Ce coefficient de parenté entre deux individus a été défini par Cox *et al* (1985) comme la probabilité qu'un allèle pris au hasard chez un individu soit identique par descendance à un allèle tiré au hasard au même locus d'un autre individu.

La diversité génétique peut être aussi étudiée au niveau des séquences par les SNP (Single Nucleotide Polymorphism).

Le développement des méthodes à haut débit permet d'augmenter le nombre de loci analysés ainsi que d'échantillons de populations, ainsi que le niveau d'expression des gènes, permettant un lien entre génotype et phénotype.

Le développement des méthodes statistiques multidimensionnelles (ACP, AFC, AFCM, AFD, classification) et d'agrégation, associés à l'informatisation, permet de traiter et d'analyser de grands jeux de données et de caractères.

L'ensemble des études montre que les variations intrapériodes sont supérieures aux variations interpériodes et que la diversité des variétés anciennes ne recouvre pas celle des variétés modernes (changement qualitatif).

C. Etudes sur la diversité temporelle

De nombreuses études sur l'évolution temporelle des variétés, c'est-à-dire comparant variétés anciennes et variétés modernes, faites à l'aide de marqueurs moléculaires mais aussi biochimiques et agrophysiologiques ont déjà permis d'évaluer les changements temporels de la diversité génétique de différentes espèces, notamment sur le blé (Reif *et al*, 2005 ; Roussel *et al*, 2004 ; Maccaferri *et al.*, 2003 ; Srinivasan *et al.*, 2003 ; Manifesto *et al.*, 2003 ; Donini *et al.*, 2000 ; Metakovsky *et al.*, 1998), mais aussi sur l'orge (Koebner

et al., 2003) ou le maïs (Lu et Bernardo, 2001). Une diminution de la diversité cultivée a pu être généralement constatée entre l'époque où les variétés de pays étaient utilisées et la mise en place des catalogues. Néanmoins, on constate souvent une remontée de la diversité des variétés modernes à la fin du XX^{ième} siècle. Pour les seules variétés inscrites au catalogue, l'amélioration génétique a principalement conduit à des changements qualitatifs plutôt que quantitatifs, avec une variabilité intrapériode nettement supérieure à la diversité interpériode. Ce phénomène correspond dans un premier temps à fixer les gènes d'intérêt agronomique majeurs (rendement) à partir des populations anciennes, puis à augmenter ensuite la diversité en introduisant d'autres gènes d'intérêt par croisement à partir d'autres populations ou d'espèces apparentées.

Cependant, hormis les études menées par Roussel *et al.*, (2004) et par Metakovsky et Branlard (1998) sur le blé, par Le Clerc *et al.* (2005) sur le maïs et par Baranger *et al.* (2004) sur le pois, aucune autre étude en France n'a permis d'évaluer la diversité temporelle sur l'ensemble des variétés qui furent inscrites au Catalogue français depuis sa création (Tableau 1).

2. Indicateurs de diversité génétique

Une revue des indicateurs développés dans les instances internationales relatifs à la diversité cultivée, a été effectuée (FAO, CDB, OCDE).

[Extrait du rapport intermédiaire n°1 (version définitive), p. 40]

Il en ressort que les indicateurs internationaux les plus pertinents pour estimer la diversité, compte tenu des données disponibles, sont les suivants:

- Evolution du nombre d'espèces concernées, dans le cadre de l'inscription au Catalogue (indicateur répertorié par l'OCDE) ;
- Nombre d'entrées conservées en collections nationales par espèce (réseaux BRG) ;
- Evolution du nombre de variétés cultivées et exploitées, en relation avec un seuil de production minimum et/ou une surface minimale de multiplication. Source possible GNIS (indicateur répertorié par l'OCDE) ;
- Part des variétés cultivées dans la production totale. Source GNIS/ONIC (indicateur répertorié par l'OCDE).

Cette première liste a été complétée par les indicateurs retenus par le comité de pilotage (cf. III).

II. Analyse de la diversité génétique des variétés de maïs et de pois inscrites au Catalogue français

Objectif :

A partir de l'étude bibliographique sur les méthodes d'estimation de la diversité génétique et sur les études de diversité temporelle, la deuxième partie de cette étude a consisté à estimer des indices de diversité sur deux espèces modèles, le maïs et le pois, afin :

- d'étudier l'évolution de la diversité temporelle des variétés inscrites au Catalogue officiel français ;
- de proposer des indicateurs de diversité pertinents, transposables aux autres espèces et aux différentes données (phénotypiques, enzymatiques, moléculaires), en ayant recours aux bases de données disponibles.

A. Présentation du matériel et de la démarche adoptée sur pois et maïs

1. Le matériel végétal (Tableaux 2 et 3) :

Les espèces maïs et pois ont été retenues comme modèles pour les raisons suivantes :

- étudier des espèces agricoles et potagères,
- disposer de la plus grande quantité de données disponibles sur les cinq dernières décennies, depuis la date de première inscription des variétés au Catalogue, à partir des bases de données du GEVES :
 - * en maïs : 1990 lignées sur 47 ans, depuis 1957,
 - * en pois potager : 384 lignées sur 51 ans, depuis 1952,

* en pois protéagineux : 193 lignées, sur 27 ans, depuis 1976.

- choisir des espèces importantes au Catalogue français : le maïs représente l'espèce phare avec 1323 variétés inscrites au Catalogue français en 2004, soit 31 % des variétés inscrites au Catalogue français des espèces agricoles. Le pois potager fait partie des espèces très représentées en potagères, avec 108 variétés au Catalogue français en 2004 .

Pour le maïs, ne disposant pas de descriptions complètes pour les hybrides, ce sont les lignées entrant dans la constitution d'hybrides inscrits qui ont été retenues. Par conséquent, la diversité analysée à un temps **t** correspond à la diversité utilisée par les sélectionneurs pour réaliser des hybrides et non à la diversité réellement disponible pour l'agriculteur. Il est à noter que la diversité des lignées donnera une image de celle des hybrides commercialisés étant donné que plus de 90% des lignées ont participé à la création de moins de 5 hybrides et seulement 0.1% de lignées sont à l'origine de plus de 35 hybrides (dont les célèbres lignées F2 et F7 de l'INRA).

Pour les pois, ce sont directement les variétés inscrites au Catalogue qui ont été étudiées.

2. Constitution des décades :

Pour étudier la diversité temporelle, 3 périodes ont été définies pour le maïs et le pois protéagineux et 5 périodes ou décades pour le pois potager, (cf tableau 2 et 3).

En maïs, le tri des lignées par période a été effectué en prenant en compte la date d'inscription du premier hybride utilisant ces lignées et la date de radiation du dernier hybride utilisant ces lignées. Par conséquent, les lignées dont les hybrides ont été inscrits au cours d'une période mais qui ne sont radiés qu'au cours de la période suivante sont donc comptabilisées dans les deux périodes. De même, en pois, le tri des lignées par décade a été effectué en prenant en compte directement la date d'inscription et de radiation de la lignée commerciale.

Cette méthode permet d'évaluer la diversité génétique existante au Catalogue sur une période donnée et non la diversité créée sur cette période.

3. Données phénotypiques et enzymatiques (Tableau 2) :

34 et 61 caractères phénotypiques furent respectivement analysés en maïs (tableau 5) et en pois (tableaux 6 et 7), basés sur les guides de l'Office communautaire des variétés végétales OCVV-TP/2/2 et OCVV-TP/7/1¹ et sur les caractères utilisés au niveau national avec une notation pouvant aller de 1 à 9. Ainsi, les mesures quantitatives sont retranscrites en notes, en se calibrant sur les variétés témoins pour s'affranchir des interactions génotypes-environnement. La stabilité des notations DHS (distinction, homogénéité, stabilité) tient également au fait qu'une même personne réalise les notations sur maïs et pois depuis plus de trente ans.

Sur maïs, 17 *loci* enzymatiques ont été analysés sur 1921 lignées, soit la quasi-totalité des lignées analysées à l'aide des caractères phénotypiques.

Sur pois, 8 *loci* et 4 bandes protéiques ont été analysés sur 163 lignées de pois potager et 142 pois protéagineux.

B. Résultat des analyses

1. Données phénotypiques

a. Indices de diversité : H_e de Nei et nombre de classes (Tableau 4)

Par caractère phénotypique ou enzymatique et par décade, nous avons calculé un **indice de diversité** H_{ec} , qui prend en compte la fréquence des notes ou les fréquences alléliques et le nombre de classes ou le nombre d'allèles, en reprenant la formule de l'indice de diversité génétique de Nei non biaisé (1978) :

Par locus :

$$H_{ec} = \frac{2n_c}{2n_c - 1} \left(1 - \sum_{a=c}^{a=A_c} (P_{ac})^2 \right)$$

Avec P_{ac} = fréquence estimée de la note 'a' pour le caractère phénotypique dans une décade donnée / ou fréquence allélique de l'allèle 'a' pour le locus c

Et n_c = nombre d'individus caractérisés pour ce caractère ou locus par décade

Un indice moyen a également été calculé par décade pour les C caractères ou *loci* :

$$H_e = (1/C) \cdot \sum_{c=1}^C H_e^c$$

¹ (<http://www.cpvo.eu.int/documents/TP/>)
19/09/2006, Valérie Cadot

Cet indice est d'autant plus élevé que la distribution des fréquences est uniforme. Inversement une fréquence devenant nettement dominante fait baisser cet indice.

Les caractères hautement corrélés ont été éliminés afin de ne pas biaiser les indices de diversité. Ainsi au final, en maïs, 33 caractères sur 34 ont été retenus, et en pois, 57 caractères sur 61.

Afin de mieux interpréter l'évolution du H_e en lien avec l'évolution de chaque caractère au cours des décades, 3 analyses statistiques ont été effectuées pour chaque caractère :

2. une analyse de variance caractère par caractère ou un test de Kruskal et Wallis,
3. une boîte à moustaches représentant la variation de 50% des individus entre le 1^{er} et 3^{ème} quartile,
4. un histogramme de fréquence des notes avec un test de χ^2 (au niveau de confiance de 95%).

Aussi bien pour le maïs que le pois potager ou le pois protéagineux, les indices moyens de diversité, H_e , n'ont pas montré de différences statistiques significatives entre décades sur l'ensemble des caractères phénotypiques étudiés (Tableau 4).

La diversité phénotypique moyenne, H_e , du maïs (0.68) est supérieure à celle des pois potagers, (0.35) elle-même légèrement supérieure à celle du pois protéagineux (0.29).

Cependant, la seule prise en compte de cet indice ne suffit pas car il apparaît très peu sensible aux allèles rares ou aux faibles fréquences de notes, dans le cas des marqueurs morphologiques. Par conséquent, l'analyse doit être complétée par un indicateur plus fin du type richesse allélique ou le nombre de classes pour les caractères morphologiques.

Le nombre de classes :

Le **nombre de classes** par caractère et par décade a été calculé afin de comparer l'étendue de la diversité entre décades. Ce nombre de classes est le pendant du nombre d'allèles pour les études enzymatiques.

En maïs : le nombre moyen de classes augmente légèrement entre la décade 1 et la décade 3, passant de 6,69 à 7,54. Seule l'augmentation entre la décade 1 et la décade 2 est significative, d'après le test des signes (Tableau 5). Cette augmentation du nombre de classes est due à l'apparition de classes extrêmes et non de classes intermédiaires, suggérant que cette extension résulte peut-être de l'introduction de nouvelles sources de variation plutôt que de matériel génétique déjà existant.

En pois potager et en pois protéagineux, le nombre moyen de classes a également augmenté significativement entre la première et la dernière décade .

b. Paramètres de différenciation phénotypique.

Afin de comparer la variation phénotypique entre décades, nous avons calculé des paramètres de différenciation tels que décrits par Dubreuil et Charcosset (1998). Pour ce calcul, seules les lignées nouvellement inscrites pour le pois ou ayant donné lieu aux variétés hybrides nouvellement inscrites par décade pour le maïs ont été prises en compte. Ainsi, toute redondance des lignées par décade est évitée afin d'estimer la part de différenciation réellement due aux nouvelles lignées.

Gst :

Les formules appliquées à un locus isozyme ou RFLP sont, dans le cas présent, appliquées à un caractère ; une décade correspondant à une population. Pour chaque décade comparée deux à deux, la diversité génétique totale (H_e) est égale à la somme de la diversité génétique intra-décades (H_w) et de la diversité génétique inter-décades (D_{st}).

Le coefficient de différenciation génétique est évalué par $G_{st} = \frac{D_{st}}{H_e}$ (Nei 1973).

Maïs (Tableau 5a) :

La différenciation entre décades deux à deux, estimée par le G_{st} , est très faible et la différenciation entre les trois décades, n'est que de 1%. La diversité totale est principalement due à la diversité intra

décades (Hs). Le nombre de variétés inscrites ces dernières années augmente considérablement mais ces variétés se différencient peu d'un point de vue phénotypique, non seulement entre elles mais également se différencient peu des variétés inscrites avant 1983.

Pois (Tableau 5b et 8c) :

Que ce soit pour le pois protéagineux ou le pois potager, une grande part de la diversité totale (H_T) est conservée dans chaque décade. La différenciation augmente de la première à la dernière décade mais reste globalement faible, avec 5,7% en moyenne pour les pois protéagineux et 8,5% pour les pois potagers. Elle est plus importante chez les pois potagers et atteint jusqu'à 10,7% entre la décade 1 et la décade 5, ce qui s'explique par des objectifs de sélection plus diversifiés en pois potager (pois frais, pois mangetouts, pois de conserve ou pois de casserie).

Qst :

L'indice Qst (Spitze, 1993) a été calculé uniquement pour le maïs sur les 21 caractères qualitatifs ordinaux assimilés à des caractères quantitatifs afin de mieux prendre en compte la différenciation quantitative de ces caractères. Cet indice devrait être un meilleur estimateur que le Gst lorsque les caractères ne sont pas neutres, (dans ce dernier cas, alors $Gst=Qst$). Les indices Qst ont été calculés à partir des ANOVA sous STATGRAPHICS 5 Plus pour chaque combinaison de décades prises deux à deux :

$$Q_{st} = \frac{\sigma_{GB}^2}{2\sigma_{GW}^2 + \sigma_{GB}^2}$$

avec σ_{GB}^2 , la variance inter-décade et σ_{GW}^2 , la variance intra-décade.

La valeur moyenne du Qst se révèle légèrement plus élevée que celle du Gst, quelles que soient les décades comparées sur les 21 caractères ; pour les caractères soumis à la sélection comme la longueur de la plante, le diamètre de l'épi, la longueur de l'épi, la précocité de floraison mâle. Ainsi, entre les décades 1 et 3, le Qst de la longueur de la plante est de 14% contre 4% pour le Gst. Mais comme la différenciation moyenne du Qst ne dépasse pas 1%, à l'instar du Gst, les calculs des Qst n'ont donc pas modifié les conclusions issues du calcul par les Gst.

c. Analyses multivariées : ACP avec ellipses de tolérance (UNIWIN)

Pour chaque espèce, des ellipses de tolérance sur ACP ont été effectuées pour chaque décade, à l'aide du logiciel UNIWIN Plus 5.11, avec un niveau de confiance de 95%. Ces ellipses ont permis de suivre l'évolution de la diversité phénotypique à la fois qualitativement par le déplacement des ellipses et quantitativement par la taille des ellipses.

Maïs (Figure 1) :

L'Analyse en Composantes Principales (ACP) a été réalisée sur 25 caractères qualitatifs ordinaux. Les deux premières composantes de l'ACP expliquent 28% de la variation totale. Alors que l'axe principal peut être expliqué par des caractères liés au rendement : période de floraison mâle, longueur de l'épi et la longueur de la plante, le second axe est expliqué par la coloration anthocyanique des glumes, des racines d'ancrage, des anthères et des soies.

Le léger décalage des ellipses vers la droite, le long de l'axe principal, traduit un déplacement qualitatif de la diversité temporelle vers des variétés à floraison plus tardives, des épis plus longs, des plantes plus grandes et à plus fort rendement. L'évolution vers ces caractères a été confirmée par les analyses de variance par caractère (Figure 2). Les tailles comparables des ellipses de tolérance traduisent au niveau quantitatif une diversité similaire entre décades. En d'autres termes, les 1847 lignées de la dernière décade constituent autant de diversité que celle apportée par les 178 lignées de la décade 1.

Pois protéagineux :

Dans l'ACP, les deux premières composantes principales expliquent 33.6 % de la variation totale. La composante 1 est expliquée principalement par le nombre de nœuds et l'époque de floraison tandis que la composante 2 est expliquée par les caractères largeur de gousse et poids de mille graines.

Le rétrécissement des ellipses de tolérance le long de l'axe 1, au cours des décades, indiquerait une diminution de la diversité pour le nombre de nœuds et l'époque de floraison. Ce résultat est confirmé par la diminution de l'indice de Nei entre la décade 3 et 4 au cours des décades, traduisant une sélection vers des pois plus tardifs. La décade 3 était plus diversifiée que les décades 4 et 5 avec la présence de classes plus précoces. D'autre part, les ellipses sont positionnées de plus en plus bas sur l'axe 2, traduisant une sélection orientée vers un rendement plus élevé avec des variétés à gousses plus larges et

avec un poids de mille grains plus important. Ces résultats sont également confirmés par une forte diminution de l'indice de Nei pour la largeur de la gousse.

La taille de l'ellipse de tolérance de la décade 5 inférieure à celle de la décade 4, elle-même inférieure à la décade 3 indiquerait une diminution de la diversité. Mais ce résultat est à prendre avec précaution pour deux raisons :

- le faible effectif de la décade 1 (10 individus) biaisant certainement la taille de l'ellipse comparée aux deux autres ;
- Le faible nombre de caractères pris en compte par les exigences de l'ACP : 17 sur 61 correspondant à des caractères qualitatifs ordinaires à cinq classes, assimilables à des caractères quantitatifs.

Pois potager (Figure 3) :

23 variables ont été retenues pour l'ACP sur 61, incluant comme variables supplémentaires par rapport au pois protéagineux, les caractères liés aux folioles. Les deux premières composantes principales couvrent 39.9% de la variation totale. L'axe 1 est principalement expliqué par la largeur de la gousse, la longueur de la gousse, le poids de mille grains et la largeur des folioles tandis que l'axe 2 est expliqué par le nombre de nœuds et l'époque de floraison. La figure 6 indique que les ellipses par décade sont de taille équivalente, traduisant une diversité d'amplitude similaire d'une décade à l'autre. Mais le décalage net sur l'axe 1 des ellipses vers la gauche, entre la décade 1 et la décade 5, indique une modification de leur contenu, reflétant l'arrivée au Catalogue des pois potagers extra-fins avec une gousse moins large, moins longue, un poids de mille grains plus faible et des folioles étroites. L'analyse caractère par caractère confirme la diminution significative de la largeur de la gousse, de la longueur et du poids de mille grains et de la largeur des folioles (Figure 4). En ce qui concerne l'axe 2, la décade 1 est décalée légèrement vers le haut par rapport aux autres décades, traduisant une sélection vers un nombre de nœuds un peu plus faible et une époque de floraison un peu plus précoce mais sans être statistiquement significatif dans l'analyse caractère par caractère.

2. Données enzymatiques :

a. Indices de diversité génétique : He, nombre d'allèles, richesse allélique

Les fréquences alléliques ont été calculées afin de détecter l'apparition ou la disparition des allèles au cours du temps. Les indices de diversité non biaisés de Nei, He, (1987), le nombre d'allèles et la richesse allélique ont été calculés par locus et par décade. Des analyses statistiques ont été faites sur les indices de Nei et la richesse allélique.

Maïs :

Sur 44 allèles mis en évidence, 4 allèles sont apparus au cours de la décade 2 ou de la décade 3 (*loci* pgd1, pgd2, pgm1 et cat3). Seul l'allèle 1 du locus *pgi1* a disparu au cours de la décade 3. Excepté les 5 allèles précédents, 5 allèles rares sont détectés pour la décade 1 contre 6 et 7 pour la décade 2 et la décade 3, respectivement. Ces allèles ont vu leur fréquence diminuer au cours du temps.

L'examen des distances moyennes de Rogers, calculées par décade, montre que les lignées ont tendance à se ressembler de plus en plus (Tableau 7). De plus, les enzymes apparaissent de moins en moins efficaces pour distinguer ce nombre croissant de lignées inscrites. En effet, alors que 9,3% des lignées de la décade 1 n'ont pu être distinguées, ce pourcentage passe à 12,8% pour la décade 2 et à 14,6% pour la décade 3.

He diminue très légèrement de la décade 1 à la décade 3 mais encore une fois, cette différence n'est pas significative (Tableau 6). Nous pouvons donc conclure qu'il y a autant de diversité conservée dans chaque décade. L'indice de diversité génétique (0,22) est plus faible que celui estimé à partir des caractères morphologiques (0,67). Le faible niveau de diversité génétique présent dans chaque décade peut être dû au faible niveau de polymorphisme révélé par les isozymes utilisés.

La richesse allélique moyenne par décade diminue de façon non significative entre la décade 1 (2,35) et la décade 3 (2,26) (Tableau 6).

Pois :

40 allèles ont été mis en évidence sur 12 *loci* pour le pois potager contre 35 pour le pois protéagineux.

Pour le pois protéagineux, seul un allèle est apparu au cours de la dernière décennie, au *locus* *Pgm1*, et aucun allèle n'a été perdu. Cinq allèles rares ont également été détectés dont trois présentant une fréquence qui a diminué lors de la dernière décade.

Pour le pois potager, l'examen des fréquences alléliques montre que trois allèles sont apparus au cours de la décade 3, deux au cours de la décade 4 et un au cours de la décade 5. Aucun allèle n'a été perdu au cours des décennies.

De façon générale, les protéines ont permis de révéler plus de polymorphisme que les isozymes. Contrairement au cas du maïs, l'indice de diversité génétique de Nei est semblable à celui estimé par les caractères morphologiques.

L'indice de diversité génétique de Nei est constant d'une décade à l'autre mais encore une fois, plus élevé pour le pois potager (Tableau 9) que le pois protéagineux (Tableau 10). La richesse allélique moyenne par décade a légèrement augmenté au fil du temps chez le pois protéagineux comme chez le pois potager.

Les enzymes et protéines de réserve n'ont pas mis en évidence de perte de diversité génétique depuis l'ouverture du catalogue et même plutôt une légère augmentation du nombre d'allèles, contrairement à l'étude de Baranger *et al.*, (2004) sur la diversité génétique des pois protéagineux de printemps à l'aide de marqueurs protéiques et PCR. Une première explication serait que, dans notre étude, pois de printemps et pois d'hiver n'ont pas été séparés. Une seconde serait due au fait que le jeu de données analysées en enzymes est plus restreint que celui analysé avec les données morphologiques et ne représente donc pas toute la diversité disponible sur une période donnée.

b. Indices de différenciation génétique : G_{ST}' , F_{ST} (FSTAT, ARLEQUIN)

Les paramètres suivants de différenciation de Nei (1987) ont été estimés sous FSTAT pour chaque locus et sur la totalité des loci :

- Le G_{ST}' , équivalent du G_{ST} mais indépendant du nombre d'échantillons analysés (nombre de décades comparées).

- le F_{ST} de Weir & Cockerham (1984), équivalent du G_{ST} mais avec une pondération des fréquences alléliques d'après la taille des échantillons analysés (nombre d'individus par décade).

Le même test a pu être obtenu en effectuant une AMOVA (Excoffier *et al.*, 1992) à l'aide du logiciel Arlequin, version 2000 (Schneider *et al.*, 2000).

Maïs (Tableau 8) :

Nous avons trouvé des valeurs de G_{ST}' et de F_{ST} très similaires. La différenciation observée entre les 3 décades n'est que de l'ordre de 1 à 2%, ce qui est comparable au 1% obtenu suite à l'analyse des caractères phénotypiques. Même faible, cette différenciation est significative entre les 3 décades ainsi qu'entre toutes les décades prises deux à deux. L'analyse de variance sous ARLEQUIN conduit à la même conclusion. La différenciation est significative et 99% de la diversité est conservée intra-décades plutôt qu'entre décades.

Ce qui signifie que la diversité conservée dans chaque décade est constante mais que cette diversité évolue d'un point de vue qualitatif. Les allèles conservés sont les mêmes mais les fréquences alléliques évoluent.

Pois (Tableau 11) :

La différenciation est bien moins importante que celle observée suite à l'analyse des caractères morphologiques, ce qui montre que les fréquences alléliques ont peu évolué.

En pois protéagineux : la différenciation observée est très faible et non significative, lorsque l'on prend en compte le F_{ST} de Weir & Cockerham (0,4%) et nulle lorsque l'on regarde le paramètre G_{ST} de Nei. Le paramètre F_{ST} est l'équivalent du G_{ST} de Nei mais il est logiquement plus « fiable » car il pondère les fréquences alléliques.

En pois potager : pour estimer la différenciation, les décades 1 et 2 ont été regroupées car la décade 2 comprenait seulement 9 variétés. La différenciation observée en pois potager (1,3%) est équivalente à celle obtenue en maïs. La différenciation observée entre décades reste très faible, que ce soit avec le paramètre F_{ST} ou G_{ST}. Cependant, la différence entre les fréquences alléliques de la décade 1 et 2 (population 1) avec celles des décades 4 et 5 est significative, passant de 1,3% de différenciation entre la population 1 et la population 2 à 5,2% entre la population 1 et la population 4.

3. Influence du type de marqueurs sur l'analyse de la diversité

Comme le souligne Lallemand (2004), l'observation de caractères morphologiques peut conduire à une estimation biaisée de la diversité génétique. En effet, la diversité 'visible' peut fortement augmenter tandis que la diversité génétique reste stable.

Les isozymes utilisées en maïs et en pois, en raison de leur neutralité supposée vis-à-vis de la sélection, et de leur bonne répartition sur le génome peuvent prétendre à une meilleure analyse de la diversité génétique, mais en revanche leur pouvoir discriminant n'est pas très élevé.

De nouvelles alternatives comme le marquage moléculaire sont désormais possibles pour analyser la diversité génétique. La diversité génétique de variétés de maïs représentatives du maïs cultivé en France (133 variétés) au cours des cinq dernières décennies a déjà fait l'objet d'une étude à l'aide de marqueurs microsatellites (Le Clerc *et al.*, 2005). Ces marqueurs se sont montrés effectivement plus polymorphes que les enzymes pour l'analyse de lignées, sans toutefois remettre en cause les conclusions de la présente étude.

Conclusion :

Pour le maïs et pour le pois, quel que soit le type de données analysées (phénotypiques, enzymatiques), aucune différence quantitative significative n'a pu être mise en évidence en ce qui concerne le niveau de diversité disponible au Catalogue pour les agriculteurs, durant les cinq dernières décennies. Parallèlement, des changements qualitatifs, principalement au niveau phénotypique, ont pu être décelés.

La diversité disponible pour les sélectionneurs s'est donc accrue au cours du temps si on cumule le pool des variétés modernes inscrites au Catalogue et celui des ressources génétiques lorsque les variétés radiées sont conservées.

La réglementation sur la DHS devra veiller à ne pas abaisser le seuil de distinction afin de permettre l'inscription de variétés pouvant répondre à de futures contraintes biotiques et abiotiques et d'empêcher une sélection trop 'cosmétique'. Il serait intéressant de compléter cette étude en intégrant les données VAT (Valeur Agronomique et Technologique) pour les grandes cultures et de comparer cette étude avec la diversité calculée à partir de marqueurs moléculaires, comme les microsatellites.

Cette deuxième partie a fait l'objet d'un article accepté le 7 juillet 2006 dans Theoretical and Applied Genetics (Le Clerc et al. 2006) ; l'intitulé étant : Indicators to assess temporal genetic diversity in the French Catalogue: no losses for maize and peas.

III. Présentation de 10 indicateurs de la diversité des espèces cultivées en France

A partir de la bibliographie réalisée sur les indicateurs au niveau international (FAO, OCDE, Convention sur la Biodiversité), 10 indicateurs de la biodiversité des espèces cultivées en France ont été retenus par le Comité de Pilotage. Ils peuvent être regroupés en 3 thèmes :

- Evolution de la diversité au Catalogue français ou diversité commercialisable (source GEVES) ;
- Conservation de la diversité utilisable (source GEVES et BRG) ;
- Evolution de la diversité cultivée (source GNIS).

A. Évolution de la diversité au Catalogue français ou diversité commercialisable (source GEVES)

1. Evolution du nombre d'espèces au sein du Catalogue français des espèces et variétés depuis 1933

En 1932, un décret institua la création du Catalogue des Espèces et des Variétés de Plantes Cultivées, avec les premières inscriptions pour les espèces de grandes cultures en 1933 (blé tendre), puis en 1952 pour les premières espèces potagères et en 1961, pour les espèces fruitières.

C'est au cours de la deuxième moitié du XX^{ème} siècle que le nombre d'espèces cultivées couvertes par la réglementation du Catalogue national a considérablement augmenté, atteignant **en 2004, 135 espèces dont 58 espèces de grandes cultures, 47 espèces potagères et 30 espèces fruitières** (pour lesquelles l'inscription n'est pas obligatoire au Catalogue fruitier sauf en cas de certification des variétés, contrairement aux autres espèces). Ce nombre reste inférieur au nombre d'espèces cultivées pouvant jouer un rôle alimentaire, agricole ou industriel, et de nouveaux Catalogues pourraient encore s'ouvrir selon le développement commercial de celles-ci.

2. Evolution du nombre de variétés inscrites au sein du catalogue français des espèces et variétés depuis 40 ans

En 40 ans, **de 1960 à 2004, le nombre de variétés au Catalogue français a été multiplié par 13**, avec en 2004, plus de 7800 variétés au Catalogue français (Figure 5) : **près de 4200 variétés pour les grandes cultures** (Figure 11), **plus de 2200 variétés pour les espèces potagères** et **plus de 1450 variétés pour les espèces fruitières et la vigne**.

Pour les espèces de grandes cultures, le nombre de variétés inscrites a été multiplié par 38, en 40 ans, en passant de 110 à 4178. Le maïs à partir des années 1980 est devenu l'espèce prépondérante et a accentué son écart avec les autres grandes cultures au cours du temps, avec 1323 variétés au Catalogue français, soit environ 4 fois plus que les autres espèces majeures (betterave, ray grass fourrager, tournesol, blé tendre) qui ne dépassent pas 370 variétés en 2004.

Pour les espèces potagères, aux 2200 variétés destinées au marché professionnel, il faut rajouter 248 variétés potagères listées en variétés amateurs en 2006. Quatre espèces dépassent les 200 variétés en 2004 : la tomate (289), la laitue (269), le melon (228), le haricot (221).

Pour les espèces fruitières, le nombre de variétés n'a été multiplié que par 3,7 en passant de 398 en 1970 à 1452 en 2004. Les deux espèces prédominantes sont le pêcher et le pommier, avec respectivement 332 et 279 variétés en 2004. Puis viennent quatre espèces approchant les 80 à 90 variétés : poirier européen, prunier, cerisier acide et abricot.

Cette augmentation du nombre de variétés, importante jusqu'en 2000, s'est infléchie pour toutes les espèces entre 2000 et 2004, sauf en maïs, suite à l'augmentation du nombre de variétés radiées et au ralentissement du nombre d'inscriptions (Figure 6).

Depuis 2002, le flux sortant (variétés radiées) dépasse le flux entrant (variétés inscrites). Plusieurs raisons peuvent être avancées pour expliquer la baisse du nombre d'inscriptions :

- une plus grande concurrence des autres pays européens en matière d'inscription et de protection, notamment les Pays-Bas pour les espèces potagères,
- le développement de l'Autorisation Provisoire de Vente européenne,
- le poids du choix du pays examinateur décidé par l'OCVV pour réaliser les études préalables à l'obtention d'un certificat d'obtention végétale,

- la fusion des entreprises avec la disparition des structures familiales, au profit des groupes internationaux,
- un ralentissement ou la suspension de la recherche publique française sur certaines espèces.

3. Augmentation du nombre de rubriques officielles et de catégories pour classer les inscriptions

Le suivi des ouvertures de rubriques officielles au Catalogue présente l'intérêt de décrire l'apparition de nouveaux gènes, de types variétaux ou usages apparus au cours du temps. Cet aspect descriptif met en avant les critères de sélection recherchés et les types variétaux demandés par les producteurs et les consommateurs. Dans le but d'élargir cette classification, les catégories indiquées dans le Catalogue français GNIS ont également été répertoriées.

En général, les rubriques officielles et les catégories mentionnées dans le Catalogue français apportent une structuration, portant principalement sur les caractéristiques technologiques (teneur en acide érucique...) et agronomiques (la précocité, la saison de culture et la structure génétique).

Pour les espèces de grandes cultures, les catégories et rubriques sont indiquées dans le tableau 12a. Quatre espèces ont été plus particulièrement étudiées : maïs, blé tendre, tournesol et colza.

Pour les espèces potagères, il n'existe pas de rubriques officielles mais des les catégories du Catalogue français ont été recensés dans le Tableau 12b ; les rubriques étant très liées aux caractères de Valeur Agronomique et Technologique, caractéristiques des espèces de grandes cultures. On peut néanmoins mentionner une structuration basée sur la structure génétique (hybrides, variétés classiques, ou populations) et sur les types variétaux. D'autre part, un registre annexe des variétés anciennes pour jardiniers amateurs a été créé en 1997 par le Ministère de l'Agriculture, sur la base des réflexions conduites par le Comité Technique Permanent de la Sélection végétale et des semences (CTPS) : les professionnels recherchent des variétés à haut rendement, homogènes et correspondant aux attentes de mise en marché de la filière tandis que la demande amateur est orientée vers l'aspect culturel du légume « oublié » ou la diversité de formes, et il n'est pas tenu à une production homogène.

Cet indicateur se révèle être plutôt qualitatif et lié à l'évolution de l'utilisation des différentes espèces cultivées ainsi qu'à la répartition géographique de l'espèce.

4. Renouvellement des variétés inscrites au Catalogue

4 a) Augmentation de l'âge moyen des variétés au Catalogue car les radiations sont pour l'instant moins nombreuses que les inscriptions :

De 1985 à 2005, la durée moyenne d'inscription des variétés au Catalogue a augmenté de 2,5 ans, notamment si l'on tient compte des variétés anciennes toujours inscrites au Catalogue (Tableau 13).

- Les Catalogues des arbres fruitiers et de la vigne s'avèrent les plus âgés, avec une durée de vie de 22 ans en 2005.
- Le Catalogue des espèces potagères est intermédiaire entre les espèces fruitières et les grandes cultures, avec un âge moyen de 14 ans en 2005.
- Le Catalogue des grandes cultures s'avère le plus jeune, avec une durée de vie moyenne autour de 10 ans en 2005 (sauf pour la pomme de terre et le groupe du lin et chanvre).

4 b) Renouvellement sur 10 ans : plus ou moins rapide selon l'espèce :

La durée d'inscription par décade a légèrement augmenté en passant de 4.9 ans en 1965-75 à 5.3 ans en 1995-2005 ; elle est essentiellement due à un renouvellement lent des arbres fruitiers mais aussi pour les céréales à paille, les oléagineux, les protéagineux, les betteraves et chicorées industrielles, le lin et chanvre. Par contre, ce renouvellement s'est accéléré pour le maïs et sorgho (de - 0,4 an), pour les plantes fourragères et à gazon (de - 0.4 ans) et pour la pomme de terre (de - 0,5 an). Au sein des espèces potagères, le renouvellement est également plus rapide (de -1.4 ans), notamment pour les espèces très utilisées comme la laitue et la tomate (d'environ - 2 ans).

4 c) Pour les espèces potagères, diminution de l'espérance de vie pour les inscriptions les plus récentes :

Pour les espèces potagères, le renouvellement plus rapide se confirme par le calcul de l'espérance de vie des variétés au Catalogue français avant la radiation de 50% des variétés. Cet indicateur indique en effet une espérance de vie au Catalogue français diminuée de 7 ans entre 1975-80 et 1995-2000 (Tableau 14).

4 d) Taux de répartition des variétés par classe d'âge : les grandes cultures ont un catalogue plus jeune que les espèces fruitières et moins conservateur :

Trois modèles se dessinent en fonction des 3 classes d'âge (< 5 ans, entre 5-15 ans, >15 ans) :

- le modèle des grandes cultures : Catalogue relativement jeune, porteur de nouveautés, avec un renouvellement variétal très rapide (environ 50% de variétés ont moins de 5 ans), ne conservant pas ou très peu les variétés les plus âgées (environ 10%) ; ceci est certainement dû à la VAT qui augmente l'incidence du progrès génétique.

- le modèle potager et pomme de terre : Catalogue intermédiaire entre grandes cultures et espèces fruitières, avec une répartition équitable des classes d'âge, 1/3-1/3-1/3, avec un renouvellement de 34 % en 2005.

- le modèle fruitier : Catalogue ancien, conservateur, avec un taux de renouvellement très faible (6 % en 2005) et un taux de variétés âgées très élevé, supérieur à 50%.

5. Evolution des structures génétiques : montée en puissance des hybrides F1 au détriment des autres structures

Pour la majorité des espèces de grandes cultures, on assiste à la montée en puissance des hybrides F1, au détriment des autres structures génétiques (populations, lignées, hybrides triples, associations ...), excepté pour le blé et le colza (Figure 7).

- En maïs, après la suprématie des hybrides doubles en 1970, les hybrides triples se sont imposés de 1980 à 1990, eux-mêmes détrônés par les hybrides simples en 2005, avec plus de 82% des variétés du Catalogue français. Les anciennes populations peuvent être conservées dans le réseau de ressources génétiques maïs géré par l'INRA.
- En tournesol, les hybrides F1 ont remplacé les populations au Catalogue, et sont prédominants en 2005, à hauteur de 98%.
- En blé tendre, les lignées restent majoritaires (>90% des variétés en 2005) malgré le développement des hybrides simples dans les années 1990.
- En colza, les lignées restent encore majoritaires mais elles sont en diminution de 40% en 15 ans (100% jusqu'en 1990 à 60% en 2005) depuis le développement des hybrides basés sur la stérilité mâle nucléocytoplasmique en 1994 et les associations variétales en 1993.
- Pour les espèces potagères, les hybrides sont apparus dans les années 1970 et ont déclenché une grande révolution dans le domaine de la sélection, en jouant un rôle important dans l'introduction de gènes de résistance aux maladies chez les espèces potagères. Ils ont alors été répertoriés dans le Catalogue GNIS. Les années 1990 sont marquées par un fort développement des hybrides : pour les 22 espèces listées avec une structure hybride, 57% des variétés sont des hybrides. Le succès des hybrides s'accroît encore en 2005, avec 85% de variétés hybrides.
- En tomate, les hybrides F1 ont remplacé les lignées au Catalogue, avec 94% d'hybrides en 2005 contre 22% en 1985. Ils ont permis de cumuler plus rapidement des gènes de résistance aux maladies et ont facilité la production sous serre.
- En melon, les lignées et les hybrides se sont développés dans les années 1970, au détriment des populations. Les hybrides F1 sont maintenant majoritaires au Catalogue, avec 95% des variétés.
- En chou-fleur, les populations sont maintenant quasi-remplacées par les hybrides F1 au Catalogue, qui représentent 75% des variétés du Catalogue. Les hybrides F1 ont apporté une plus grande homogénéité, moins de coupes à faire pour le producteur et une amélioration de la qualité.

Le risque d'érosion génétique est cependant limité car une partie des anciennes variétés populations ou des lignées sont conservées dans les réseaux de ressources génétiques (maïs, blé, tournesol, melon, tomate, chou-fleur...).

6. Évolution des caractères DHS et VAT : augmentation des tests de résistance aux maladies et du nombre de caractères VAT

Seuls les caractères DHS apportant réellement une nouveauté génétique doivent être retenus dans cette analyse (voir à cet effet la seconde partie de l'étude pour le maïs et le pois).

Pour les espèces potagères, ce sont surtout les résistances aux maladies, mais aussi l'adaptation aux conditions de culture et les types variétaux utilisés qui sont particulièrement intéressants à suivre au cours du

temps. Ainsi, le nombre de tests de résistance aux maladies a augmenté par 2.7 en 24 ans, en passant de 32 maladies en 1982 à 84 maladies en 2006 sur 16 espèces potagères (Figures 8 et 9).

Pour les espèces de grandes cultures, les critères liés à l'introduction de gènes d'intérêt ont également augmenté. Ils se trouvent principalement répertoriés parmi les caractères VAT : résistances aux maladies, résistances aux stress abiotiques (résistance à la verse) ainsi que les caractères technologiques sur la qualité.

B. Diversité conservée

7. Nombre d'entrées en Collections nationales : 17 réseaux avec plus de 10 800 entrées

Sur les 21 réseaux de ressources génétiques français coordonnés par le BRG, 80% ont défini une Collection nationale, représentant un total de 10 800 entrées (Figures 10 et 11). Les 5 premiers réseaux en nombre d'entrées en Collection nationale sont respectivement le tournesol, les céréales à paille, le pommier, les crucifères légumières et la vigne.

De façon générale, le manque de moyens financiers, de structure juridique définie et parfois de partenaires, représentent souvent des freins pour collecter, caractériser, préserver et valoriser les Collections nationales de façon durable. Cependant, certains réseaux ont toutefois analysé la structuration de la diversité génétique de leurs collections.

A côté des collections dites nationales définies par les réseaux, des collections privées, de travail ou participant à des réseaux internationaux sont aussi conservées en France par ces réseaux ou leurs participants mais elles ne sont pas forcément accessibles sans conditions particulières.

8. Evolution du nombre de variétés en collection de référence : plus de 28 000 variétés pour les grandes cultures et les espèces potagères dans la collection de référence du GEVES

La collection de référence du GEVES comprend les variétés du Catalogue français mais aussi une partie du Catalogue européen et les variétés ou lignées notoirement connues. Elle est utilisée lors des tests d'inscription au Catalogue.

En 2005, pour les grandes cultures, la collection de référence du GEVES s'élève à 19 421 variétés dont 4 300 hybrides et à 24 862 lots. Au niveau de la diversité génétique, le comptage est fait en retirant les hybrides issus des lignées parentales déjà comptabilisées. Le maïs représente l'espèce majoritaire, avec 6 261 accessions, comprenant 3 399 lignées et 2 862 hybrides, ce qui représente 32% de la collection des grandes cultures avec hybrides et 22 % sans les hybrides (Figure 12).

De 1978 à 2003, le nombre de lots pour les espèces de grandes cultures a été multiplié par 60, en passant de 484 à 29 395. En 2003, sur les 29 395 lots, 23 195 lots sont attribués à la collection de référence et 6 200 lots aux variétés radiées et aux ressources génétiques.

Pour les espèces potagères, la collection de référence s'élève en 2005 à 8 653 variétés et à 16 911 lots auxquels il faut ajouter plus de 5 000 variétés radiées ; ce qui donne une collection totale de plus de 13 650 variétés en intégrant les deux collections.

En cumulant grandes cultures et potagères, la collection de référence comprend plus de 28 400 variétés et 41 773 lots avec 63% de variétés appartenant aux grandes cultures et 37% de variétés appartenant aux espèces potagères.

Pour les espèces fruitières, 3 472 variétés (y compris les variétés anciennes) sont recensées sur 9 espèces ou groupe d'espèces : pêcher, pommier, poirier, abricotier, prunier domestique, porte-greffe prunus, porte-greffe cerisier, noyer et châtaignier). Les données sur les autres espèces fruitières n'ont pas encore été diffusées.

De façon générale, le nombre de variétés en collection de référence dépend de l'évolution du nombre de variétés au Catalogue, de la spécificité morphologique ou physiologique des espèces adaptées à nos latitudes (conservation seulement des témoins utiles : proches des variétés étudiées en France), du dynamisme de la sélection mais aussi des événements politiques, comme l'entrée des pays de l'Est au Catalogue européen.

C. Evolution de la diversité cultivée

9. Part de production des 5 premières variétés cultivées en France : diminution de la part des variétés les plus produites de 20% en 20 ans

A partir de la base de données du GNIS, pour toutes les espèces de grandes cultures, la part de production des 5 premières variétés a diminué d'environ 20% de 1983 à 2003, traduisant un plus grand nombre de variétés cultivées (Tableau 15 et figure 13). Cette diversité en augmentation des variétés peut s'expliquer par une offre plus abondante de variétés proposées mais aussi un nombre plus important de variétés spécialisées, en réponse à l'émergence de nouveaux marchés, liés à de nouvelles utilisations ou à des adaptations régionales ou saisonnières.

10. Augmentation du nombre de variétés multipliées

Cet indicateur permet de suivre la diversité utilisée par les producteurs. A partir de la base de données du GNIS, nous avons comptabilisé le nombre de variétés au-dessus d'un seuil minimum de production (exemple blé > 1000 q) afin d'éliminer les variétés très faiblement multipliées. Ce seuil a été calculé de façon à ce que les variétés retenues correspondent à 99.5% de la production de semences de l'année la plus ancienne.

De 1984 à 2002, le nombre de variétés multipliées de manière significative a augmenté pour toutes les grandes cultures, traduisant une augmentation de la diversité utilisée, même si la part de variétés produites de façon significative reste inférieure à la diversité proposée (Figure 14). Ainsi pour le maïs, le nombre de variétés multipliées en 20 ans, de 1983 à 2002, a considérablement augmenté en passant de 199 à 1 222 variétés, avec en 2002, 571 variétés ayant une production supérieure à 300 q. Pour le blé, sur la même durée, le nombre de variétés multipliées a doublé passant de 157 à 327, dont 164 avec plus de 1000 q.

BILAN SUR LES INDICATEURS

N°	Intitulé de l'indicateur	Source	Difficulté	Durée	Données à établir tous les	Remarques
1	Évolution du nombre d'espèces concernées dans le cadre de l'inscription au Catalogue	Base de données Robinson, Base de données Thalie	Simple (requête informatique)	Rapide	5 ans (minimum : 2 ans)	Indique le nombre d'espèce d'importance agricole. Espèces réglementées.
2	Évolution du nombre de variétés/espèces inscrites au Catalogue français par décade (depuis 1960 à 2000)	Base de données Thalie Données annuelles	Simple (requête informatique)	Moyen	5 ans (minimum : 2 ans)	Dynamique de la sélection, concurrence commerciale et développement d'une culture.
3	Évolution des ouvertures de rubriques/espèces au Catalogue introduisant une nouvelle structuration en sous-groupe	Catalogue français des espèces et variétés, tome 1 les grandes cultures, tome 2 espèces potagères	Difficile (documents papier) Ensuite, suivi des documents CTPS	Long pour la première saisie.	5 ans (minimum : 2 ans)	Dynamique de la sélection et de la base génétique, diversification des usages.
4	Taux de renouvellement de l'inscription des variétés dans le temps ou durée d'inscription des variétés dans le temps.	Base de données Thalie	Simple (requête informatique)	Moyen	5 ans	Dynamique de la sélection
5	Évolution des structures génétiques dans le temps.	Base de données Thalie	Simple (requête informatique)	Moyen	5 ans	Évolution de la base génétique utilisée, évolution des pratiques.
6	Évolution du nombre de critères DHS et VAT, y compris évolution du nombre de gènes de résistance aux maladies introduits dans les variétés par espèce.	Document papier + base FID pour les données DHS des grandes cultures	Difficile (Suivi des documents CTPS)	Long , technique.	5 ans	Diffusion de nouveaux gènes, acquisition de nouveaux caractères.
7	Nombres d'entrées conservées en collection nationale par espèces. (source : réseaux BRG)	Site BRG + contacts des responsables	Moyen	Long	5 ans (minimum : 3 ans)	Effort de conservation Pourrait être complété par les types de matériels conservés dont les variétés population
8	Évolution du nombre de variétés en collection de référence par espèce en chambre froide. (source : GEVES)	Bases semences du GEVES	Simple (requête informatique)	Rapide	5 ans (minimum : 2 ans)	Effort de conservation
9	Évolution du nombre de variétés cultivées et exploitées, en relation avec un seuil de production minimum et/ou une surface minimale de multiplication. (source : GNIS ; répertorié par l'OCDE)	Base de données GNIS	Difficile puis requête informatique	Long	5 ans	Variétés utilisées et commercialisées.
10	Part des variétés cultivées dans la production totale. (source : GNIS, répertorié par l'OCDE)	Base de données GNIS	Difficile puis requête informatique	Long	5 ans	Variétés dominantes du marché.

Remarque : une autre solution en terme de périodicité est de faire le point pour les espèces majeures tous les dix ans, ce qui permet une analyse plus fine de la diversité exploitée à partir des variétés inscrites au catalogue. Il est en effet délicat d'additionner certaines données, notamment le nombre de critères DHS pris en compte et les rubriques par espèce qui ne recouvrent pas une même réalité.

Conclusion

L'étude bibliographique sur la diversité temporelle des variétés au Catalogue a permis de montrer que :

- Si de nombreux indices de diversité sont utilisables, peu d'études concernent spécifiquement les variétés inscrites à un Catalogue.
- Pour les études disponibles, la variabilité intra-décennie est nettement supérieure à la diversité inter-décennie, et il peut être constaté une légère augmentation de la diversité pour certaines espèces à la fin du XXIème siècle.
- La diversité maintenue dans les variétés anciennes inscrites n'est pas exactement la même que celle des variétés modernes. Il y a donc plus un changement qualitatif de la diversité que quantitatif. Cette diversité reste toutefois inférieure à la diversité cultivée au début du XXIème siècle ou conservée en tant que ressources génétiques.
Ce changement permet de répondre à des bio-agresseurs nouveaux, à une évolution des consommations, à des déplacements des zones de production. On peut estimer que cette biodiversité créée par recombinaison est nouvelle, si parallèlement, on prend soin de conserver le patrimoine ancien au travers des banques de gènes ou des réseaux de conservation des ressources génétiques ; on peut alors dire globalement que la diversité totale augmente à chaque évolution de la demande.
- Les études scientifiques sur la diversité génétique ne permettent pas toujours de qualifier la diversité présente au Catalogue (ne serait-ce que parce qu'elle n'est pas prise en compte ou partiellement).
- Les seules études scientifiques complètes portent, à ce jour, sur le blé tendre et le maïs.

Partant de ce constat, deux études portant sur le maïs et le pois ont été conduites à partir des données phénotypiques et génétiques disponibles au sein du GEVES, afin d'estimer l'évolution de la diversité des variétés inscrites au Catalogue de ces espèces.

Au regard de cette étude, les conclusions générales que l'on peut formuler pour le maïs et pour le pois sont très similaires. Quel que soit le type de données analysées (phénotypiques, enzymatiques), aucune différence quantitative significative n'a pu être mise en évidence en ce qui concerne le niveau de diversité disponible au Catalogue Français pour les agriculteurs, durant les cinq dernières décennies. Par contre, un déplacement qualitatif de la diversité a été vérifié pour le maïs et les pois potagers et protéagineux.

L'étude de dix indicateurs a permis de juger l'évolution de trois types de diversité : la diversité proposée au Catalogue français, la diversité conservée utilisable et la diversité commercialisée, montrant :

Une augmentation de la diversité commercialisable du Catalogue, avec :

- ✓ augmentation du nombre d'espèces relevant du Catalogue (135 espèces)
- ✓ augmentation du nombre de variétés inscrites : leur nombre a été multiplié par 13 en 40 ans (7800 en 2005),
- ✓ apparition de rubriques structurantes (caractères VAT, variétés pour amateurs ...) et augmentation de nombre de caractères de résistance aux maladies,
- ✓ augmentation de l'âge moyen de 2,5 ans au Catalogue mais accélération du renouvellement pour certaines espèces de grandes cultures et d'espèces potagères,
- ✓ disparition ou raréfaction des variétés-populations du Catalogue avec le développement des hybrides , notamment pour le maïs, le tournesol, la tomate, le chou-fleur....

Une augmentation de la diversité conservée, avec :

- ✓ pour les collections de référence de grandes cultures, une multiplication par 60 du nombre de lots conservés entre 1978 à 2003. En 2005, les collections de référence du GEVES comportent 19 421 variétés en grandes cultures (dont 4 300 hybrides) et 8 653 variétés potagères, soit plus de 28 000 variétés.

- ✓ **pour les collections nationales coordonnées par le Bureau des Ressources Génétiques et développées dans les années 1980 -1990, plus de 10 800 entrées ont été dénombrées en 2005 sur 17 réseaux.**

Une augmentation de la diversité cultivée, pour les grandes cultures, avec :

- ✓ **une diminution en 20 ans de 20% de la part de production des 5 premières variétés cultivées, qui ne couvrent plus qu'environ la moitié de la production.**
- ✓ **une augmentation en 20 ans du nombre de variétés multipliées pour toutes les espèces de grandes cultures.**

TABLEAUX

Partie I

Tableau 1 : Diversité temporelle des variétés du Catalogue Français

Blé	Maïs
<p>Etude de 559 variétés entre 1800 et 2000 :</p> <ul style="list-style-type: none"> - baisse de 25% de la richesse allélique dans les variétés du catalogue français comparativement aux populations de pays - Légère augmentation de la richesse allélique à la fin du XX^{ème} siècle (peut-être due à l'élimination des gènes délétères). - Différenciation des populations de pays par rapport aux variétés inscrites au catalogue français. <p>(Roussel <i>et al</i>, 2004)</p> <p>Etude de 187 variétés de blé du Catalogue Français de 1945 à 1992 : diversité génétique élevée et inchangée sur 50 ans, à partir de l'analyse génétique des gliadines (Metakovsky et Branlard, 1998)</p>	<ul style="list-style-type: none"> - Pas de baisse drastique de la diversité génétique même si celle de la période I est plus importante que celle des autres périodes. - Diversité principalement intrapériode plutôt qu'interpériode. - La diversité génétique maintenue dans les cultivars historiques n'est pas exactement la même que celle des cultivars modernes. <p>(Leclerc <i>et al</i>, 2005,).</p>

Partie II

Tableau 2. Présentation des données utilisées : périodes d'étude du Catalogue français, nombre de caractères phénotypiques et enzymatiques et nombre de lignées étudiées pour le maïs, le pois potager et le pois protéagineux.

Espèces	Périodes		Nombre de caractères		Nombre de lignées	
	Nombre de périodes (ou décades)	Période mini-maxi	phénotypiques	enzymatiques	pour les données phénotypiques	pour les données enzymatiques (% données phénot.)
Maïs	3	1957-2004	34	17 loci	1990	1921 (96,5%)
Pois potager	5	1952-2003	61	8 loci + 4 bandes protéiques	384	163 (42,4%)
Pois protéagineux	3	1976-2003			193	142 (73,6%)

Tableau 3. Nombre de lignées de maïs et de pois analysées par décade pour les caractères phénotypiques issus de la DHS

Espèce	Type	Décade 1	Décade 2	Décade 3	Décade 4	Décade 5	
Maïs ^a	Période d'étude	1957-1983	1984-1993	1994-2004			
	No. de lignées	178	767	1847			
Pois ^b	Période d'étude	1952-1962	1963-1972	1973-1982	1983-1992	1993-2003	
	Pois potager	No. de lignées	91	129	150	221	197
	Pois protéagineux	No. de lignées	0	0	10	83	181

^a Parents d'hybrides présents au Catalogue français pendant cette période

^b Cultivars commerciaux présents au Catalogue français pendant cette période

DONNEES PHENOTYPIQUES

Tableau 4. Indice de diversité (He) et nombre de classes estimés sur 33 et 57 caractères phénotypiques pour le maïs et le pois respectivement

Espèce	Type	Indicateur	1957-1983	1984-1993	1994-2004		
Maïs		<i>He</i>	+/- 0.69	0.66	0.66		
		<i>ET</i>	+/- 0.16	+/- 0.16	+/- 0.17		
		Nombre de classes moyen	6.80	7.40	7.50		
<hr/>							
		Indicateur	1952-1962	1963-1972	1973-1982	1983-1992	1993-2003
Pois	Pois potager	<i>He</i>	+/- 0.36	0.37	0.34	0.35	0.37
		<i>ET</i>	+/- 0.28	+/- 0.28	+/- 0.30	+/- 0.31	+/- 0.31
		Nombre de classes moyen	3.18	3.51	3.32	3.56	3.67
Pois protéagineux	Pois	<i>He</i>			0.27	0.30	0.30
		<i>ET</i>			+/-0.30	+/-0.29	+/-0.29
		Nombre de classes moyen			1.96	2.93	3.02

Tableau 5. Paramètres de différenciation estimés sur a) le maïs sur 34 caractères phénotypiques b) le pois protéagineux, c) le pois potager sur 61 caractères phénotypiques

(a)

Diversité phénotypique pour le maïs				
Décades	Totale H_T	Intra-décades H_S	Inter-décades D_{ST}	Gst
1-2	0,661	0,657	0,004	0,005
1-3	0,659	0,655	0,004	0,006
2-3	0,655	0,650	0,005	0,007
Toutes décades	0,660	0,653	0,007	0,010

(b)

Diversité phénotypique pour le pois protéagineux				
Décades	Totale H_T	Intra-décades H_S	Inter-décades D_{ST}	Gst
3-4	0,322	0,316	0,006	0,018
3-5	0,307	0,294	0,013	0,044
4-5	0,320	0,305	0,014	0,045
Toutes décades	0,328	0,305	0,019	0,057

(c)

Diversité phénotypique pour le pois potager				
Décades	Totale H_T	Intra-décades H_S	Inter-décades D_{ST}	Gst
1-2	0,389	0,371	0,017	0,045
1-3	0,398	0,374	0,023	0,059
1-4	0,411	0,377	0,034	0,082
1-5	0,439	0,392	0,047	0,107
2-3	0,360	0,353	0,006	0,018
2-4	0,369	0,356	0,013	0,036
2-5	0,402	0,371	0,031	0,077
3-4	0,365	0,364	0,009	0,023
3-5	0,390	0,368	0,022	0,056
Toutes décades	0,405	0,371	0,034	0,085

DONNEES ENZYMATIQUES

MAIS

Tableau 6. Maïs : diversité génétique, nombre d'allèles et richesse allélique estimés par locus et par décade à partir des 17 loci enzymatiques analysés

Locus	Diversité génétique par locus			Nb d'allèles			Richesse allélique par locus*		
	Dec 1	Dec 2	Dec 3	Dec 1	Dec 2	Dec 3	Dec 1	Dec 2	Dec 3
mdh1	0.10	0.18	0.18	2	2	2	2.00	2.00	2.00
mdh2	0.52	0.51	0.50	3	3	3	3.00	2.87	2.52
mdh3	0.10	0.05	0.08	2	2	2	2.00	2.00	2.00
mdh5	0.14	0.12	0.08	2	2	2	2.00	2.00	2.00
idh1	0.13	.010	0.11	2	2	2	2.00	2.00	2.00
idh2	0.49	0.46	0.42	2	2	2	2.00	2.00	2.00
pgd1	0.34	0.28	0.30	2	3	3	2.00	2.62	2.30
pgd2	0.19	0.20	0.13	2	3	3	2.00	2.62	2.17
pgm1	0.00	0.00	0.00	1	1	2	1.00	1.00	1.16
pgm2	0.44	0.36	0.28	4	4	4	4.00	4.00	4.00
pgi1	0.27	0.21	0.16	3	3	2	3.00	2.38	2.00
acp1	0.62	0.61	0.58	4	4	4	4.00	3.91	3.60
dia1	0.26	0.20	0.14	2	2	2	2.00	2.00	2.00
adh1	0.14	0.20	0.22	2	2	2	2.00	2.00	2.00
got1	0.07	0.03	0.01	2	2	2	2.00	1.99	1.84
got2	0.04	0.08	0.22	2	2	2	2.00	2.00	2.00
cat3	0.24	0.18	0.17	3	4	4	3.00	3.29	2.76
Moyenne	0.24	0.22	0.21	2.35	2.53	2.53	2.35	2.39	2.26

* Pas de différences significatives entre décades ($P < 0.05$)

Tableau 7. Maïs : distances moyennes de Rogers, distances génétiques minimales et maximales par décade entre deux lignées et pourcentage de lignées non distinguées en enzymes

Décade	Distance génétique moyenne	Distance min.	Distance max.	% lignées non distinguées
1	0,238	0	0,588	9,3
2	0,218	0	0,660	12,8
3	0,209	0	0,647	14,6

Tableau 8. Maïs : paramètres de différenciation estimés à partir de l'analyse de 17 loci enzymatiques

Décades	Diversité génétique			G_{ST}	$F_{st(W\&C)}$
	Totale H_T	Intra-décades H_S	Inter-décades D_{ST}		
1-2	0,230	0,227	0,003	0,013	0,013*
1-3	0,229	0,222	0,007	0,030	0,032*
2-3	0,212	0,210	0,002	0,007	0,008*
Toutes décades	0,224	0,220	0,004	0,017	0,013*

* différence significative entre décades au seuil de 5%, testée sous FSTAT

POIS

Tableau 9. Pois potagers : diversité génétique, nombre d'allèles et richesse allélique par décade

Locus	Diversité génétique par locus*					Nb d'allèles					Richesse allélique par locus*				
	Dec 1	Dec 2	Dec 3	Dec 4	Dec 5	Dec 1	Dec 2	Dec 3	Dec 4	Dec 5	Dec 1	Dec 2	Dec 3	Dec 4	Dec 5
Pgm 1	0.20	0.28	0.24	0.16	0.17	2	2	2	2	2	2.00	2.00	2.00	2.00	2.00
Pgm 2	0.52	0.51	0.51	0.50	0.50	2	2	2	2	2	2.00	2.00	2.00	2.00	2.00
Got	0.35	0.41	0.37	0.34	0.35	2	2	2	2	2	2.00	2.00	2.00	2.00	2.00
Shdh	0.52	0.51	0.51	0.48	0.47	2	2	2	2	2	2.00	2.00	2.00	2.00	2.00
Pgd 1	0.50	0.51	0.51	0.47	0.45	2	2	2	2	2	2.00	2.00	2.00	2.00	2.00
Pgd2	0.25	0.20	0.31	0.40	0.42	2	2	2	2	2	2.00	2.00	2.00	2.00	2.00
Idh	0.00	0.00	0.07	0.05	0.09	1	1	2	2	2	1.00	1.00	1.93	1.82	1.95
amy	0.30	0.28	0.31	0.37	0.38	2	2	2	3	3	2.00	2.00	2.00	2.39	2.31
Zone A	0.30	0.28	0.27	0.28	0.31	2	2	2	2	3	2.00	2.00	2.00	2.00	2.31
Zone B	0.78	0.78	0.79	0.75	0.76	8	8	8	9	9	8.00	7.64	7.35	7.54	7.98
Zone C	0.71	0.70	0.71	0.64	0.63	5	5	5	5	5	5.00	5.00	4.98	4.90	4.83
Zone D	0.68	0.67	0.69	0.68	0.68	4	4	6	6	6	4.00	3.76	4.95	5.12	5.36
Mean	0.43	0.43	0.44	0.43	0.43	2.83	2.83	3.08	3.25	3.33	2.83	2.78	2.93	2.98	3.06

* Pas de différences significatives entre décades (P<0,05)

Tableau 10. Pois protéagineux : diversité génétique, nombre d'allèles et richesse allélique par décade

Locus	Nb d'allèles		Richesse allélique		Diversité génétique	
	Dec 1	Dec 2	Dec 1	Dec 2	Dec 1	Dec 2
Pgm 1	1	2	1,00	1,96	0,00	0,03
Pgm 2	2	2	2,00	2,00	0,40	0,38
Got	2	2	2,00	2,00	0,08	0,12
Shdh	2	2	2,00	2,00	0,47	0,47
Pgd 1	2	2	2,00	2,00	0,34	0,31
Pg2	2	2	2,00	2,00	0,40	0,33
Idh	2	2	2,00	2,00	0,21	0,22
Amy	2	2	2,00	2,00	0,33	0,30
Zone A	2	2	2,00	2,00	0,33	0,28
Zone B	8	8	8,00	7,96	0,84	0,82
Zone C	4	4	4,00	4,00	0,36	0,31
Zone D	5	5	5,00	4,96	0,53	0,47
Moyenne	2,83	2,92	2,83	2,91	0,36	0,34

SYNTHESE

Tableau 11. Récapitulatif des différents indicateurs de diversité estimés sur maïs et pois

Données	Indicateurs	Pois pot.	Pois prot.	Maïs
Caractères phénotypiques	Indice de diversité (He)	0.35	0.29	0.68
	Gst	8.5%	5.7%	1,0%
Enzymes	Indice de diversité (He)	0.43	0.35	0.22
	Richesse allélique Min- Max	2.8-3.1	2.8-2.9	2.2- 2.3
	Gst/ Fst	1.3/1.6%	0.0/0.4%	1.3 / 1.7%

Partie III

Tableau 12a : Catégories au Catalogue français ou rubriques officielles recensées pour les grandes cultures

Groupe	Espèces	Rubrique officielle (R) ou Catégorie du Catalogue français (C)	Date de création de la rubrique ou de la catégorie dans le catalogue français	Catégorie du catalogue français ou rubriques officielles	Caractéristiques	Date d'inscription de la 1 ^{ère} variété ayant cette caractéristique
Betterave et chicorées industrielles	Betterave sucrière	C	< 1975	Nombre de germes	Multigerme	1973
					Monogerme	1973
		C	< 1975	Ploïdie	diploïde	1973
					polyploïde	1973
					tétraploïde	1989
					triploïde	1973
					anisoploïde	1997
		R	1992 1992 1996 1999	Résistance aux bio-agresseurs	variété résistante à la rhizomanie	1992
					variété résistante à <i>Aphanomyces</i>	1992
					variété tolérante au nématode à kyste	1996
					variété résistante au rhizoctone brun	1999
		R	1999 2001 2004 2004	2 résistances cumulées aux bio-agresseurs	rhizomanie + rhizoctone brun	
rhizomanie + résistance au nématode à kyste						
rhizomanie + tolérance au nématode à kyste						
C	1992	Divers	rhizomanie + aphanomyces			
			variété permettant une réduction de la tarre terre	1992		
Betterave fourragère		C	< 1975	Nombre de germes	Multigerme	1952
					Monogerme	1968
		C	< 1975	Type variétal	fourragère	1952
					fourragère-sucrière	1958
					sucrière-fourragère	1958

Groupe	Espèces	Rubrique officielle (R) ou Catégorie du Catalogue français (C)	Date de création de la rubrique ou de la catégorie dans le catalogue français	Catégorie du catalogue français ou rubriques officielles	Caractéristiques	Date d'inscription de la 1 ^{ère} variété ayant cette caractéristique		
		C	< 1975	Ploïdie	diploïde polyploïde tétraploïde triploïde	1952 1962 1960 1972		
		C	< 1975	Couleur	blanche jaune jaune-orangé orange rouge rose	1960 1952 1992 1991 1952 1952		
		R	1992	Résistance aux bio-agresseurs	variété résistante à la rhizomanie	1992		
		Chicorée industrielle	C	2001	Ploïdie	diploïde polyploïde triploïde	<=1986 2001 1994	
			C	< 1975	Saison	variété d'hiver variété de printemps	1938 1935	
		Céréales	Avoine	C	< 1975	Couleur	grain blanc grain jaune grain noir Gris hiver grain nu	1946 1938 1949 1966
				C	2001	Divers	blé dur hybride obtenu par gamétocide	2001
				C	<1969	Saison	variété d'hiver variété de printemps	<=1949 <=1962
				R	1976	Blé tendre non panifiable		?
			Orge	C	1989	Divers	hybride obtenu par gamétocide	1989
C	< 1975			Saison	variété d'hiver variété de printemps	<=1937 <=1943		
C	< 1975			Type variétal	orge à 2 rangs	<=1943		
C	< 1975			Type variétal	orge à 2 rangs	<=1943		

Groupe	Espèces	Rubrique officielle (R) ou Catégorie du Catalogue français (C)	Date de création de la rubrique ou de la catégorie dans le catalogue français	Catégorie du catalogue français ou rubriques officielles	Caractéristiques	Date d'inscription de la 1 ^{ère} variété ayant cette caractéristique
					orge à 6 rangs	<=1937
		R	1989	Variété inscrite sur la liste des variétés à orientation brassicole		1979
	Riz	C	1998	Type variétal	riz méditerranéen riz tropical	<=1955 1989
	Seigle	C	< 1975	Saison	variété d'hiver variété de printemps	<=1949 <=1963
		C	< 1975	Ploïdie	Diploïde Tétraploïde	<=1949 <=1963
C		1989	Structure génétique	variété hybride	1989	
	Triticale	C	1999	Structure génétique	hybride obtenu par gamétocide	1998
Maïs et	Maïs	R	<=1965	Waxy		
		R	<=1965	Grain blanc		
Sorgho		C	1960 1957 1960	Structure génétique	hybride simple hybride double hybride 3 voies	1960 1957 1960
		C	1961	Précocité maïs grain	maïs grain très précoce maïs grain précoce maïs grain 1/2 précoce corné denté maïs grain 1/2 précoce denté maïs grain 1/2 tardif maïs grain tardif maïs grain très tardif	1961/ 1975-80 ?
		C	1986	Précocité maïs fourrage	maïs fourrage précoce maïs fourrage 1/2 précoce maïs fourrage tardif	1986
		C	1991	Usages	variété ayant satisfait aux épreuves grain et fourrage	1986

Groupe	Espèces	Rubrique officielle (R) ou Catégorie du Catalogue français (C)	Date de création de la rubrique ou de la catégorie dans le catalogue français	Catégorie du catalogue français ou rubriques officielles	Caractéristiques	Date d'inscription de la 1 ^{ère} variété ayant cette caractéristique
			1986		variété ayant satisfait uniquement aux épreuves fourrage	
		R	1997	Variété destinée à la jachère faunistique		
		C	1981	Divers	variété pouvant être commercialisée sous forme d'un mélange de semences produites avec castration et avec stérilité mâle dans des proportions définies et contrôlées	
			1994		variété pouvant être commercialisée sous forme d'un mélange de semences produites avec castration (50%) et avec stérilité mâle (50%)	
			1997		variété pouvant être commercialisée sous forme d'une association composée d'au moins 20% de plantes produites par castration de plantes fertiles	
			1997		variété pouvant être commercialisée sous forme d'une association composée d'au moins 30% de plantes produites par castration de plantes fertiles	
			1997		variété pouvant être commercialisée sous forme d'une association composée d'au moins 50% de plantes produites par castration de plantes fertiles	
			1981		variété pouvant être produite avec	1981

Groupe	Espèces	Rubrique officielle (R) ou Catégorie du Catalogue français (C)	Date de création de la rubrique ou de la catégorie dans le catalogue français	Catégorie du catalogue français ou rubriques officielles	Caractéristiques	Date d'inscription de la 1 ^{ère} variété ayant cette caractéristique
					utilisation de la stérilité mâle cytoplasmique et restauration	
		C	1998		forme modifiée d'une variété déjà inscrite	
		C	2000	Tolérance aux herbicides	variété tolérante à la cycloxydime	2000
			2000		variété tolérante aux imidazolinones	2000
			2000		variété tolérante aux sulfonylurées	1996
		C	1998	Tolérance aux insectes	variété OGM : tolérance à la Pyrale du maïs	1998
		C	1983-84	Tolérance aux maladies	Tolérance à <i>Helminthosporium turcicum</i>	1969
		R	2000	Variété riche en huile		2000
		R	2002	Variété à faible teneur en phosphore phytique		2002
		C	2004	Variété riche en protéines et en acides aminés		2004
	Sorgho	R	1971	Rubrique officielle : Sorgho grain Sorgho fourrager		1978
	Sorgho grain	C	<=1975	Précocité	groupe très précoce groupe précoce groupe 1/2 précoce groupe tardif	1982 1969 1993 <=1969
	Sorgho fourrager	C	1978	Type variétal	sudan-grass hybride sorgho X sudan grass hybride sudan X sudan	<=1978 <=1978 1992
		C	1978	Structure génétique	Hybride simple Hybride trois voies	

Groupe	Espèces	Rubrique officielle (R) ou Catégorie du Catalogue français (C)	Date de création de la rubrique ou de la catégorie dans le catalogue français	Catégorie du catalogue français ou rubriques officielles	Caractéristiques	Date d'inscription de la 1 ^{ère} variété ayant cette caractéristique
Plantes à fibres et oléagineuses	Chanvre textile	C	1998	Dioécie	monoïque dioïque	1972 1998
	Colza fourrager	C	1969	Saison	variété d'hiver variété de printemps	
		C	1994	Faible teneur en glucosinolates		1994
		R	1973	Sans acide érucique		1982
	Colza oléagineux	C	1962	Saison	variété d'hiver variété de printemps	<=1962 <=1963
		C	1984	Faible teneur en glucosinolates		1984
		R R	1973 1985	Sans acide érucique Avec acide érucique, destiné à un usage non alimentaire		1973 1985
		R	1998	Variété à faible teneur en acide alphalinoléique		1998
		R	2000	Variété à forte teneur en acide oléique		2000
		R	2004	Variété à forte teneur en acide oléique et à faible teneur en acide alphalinoléique		2004
		C	1962 1994	Structure génétique	lignées hybrides	1962 1994
		R (supprimée en 1995)	1994	Inscription des composites hybrides lignées	Association entre un hybride F1 mâle stérile et une ou plusieurs lignées pollinisatrices	1994
		Annexe au Catalogue officiel	1995	Associations variétales		1995
		C	1995	Composants d'association	Hybride simple mâle stérile	1995

Groupe	Espèces	Rubrique officielle (R) ou Catégorie du Catalogue français (C)	Date de création de la rubrique ou de la catégorie dans le catalogue français	Catégorie du catalogue français ou rubriques officielles	Caractéristiques	Date d'inscription de la 1 ^{ère} variété ayant cette caractéristique
				variétales		
	Lin oléagineux	C	2000	Type variétal	variété demi-naine	1999
		C	1981	Saison	variété d'hiver variété de printemps	1981 <=1960
	Lin textile	C	2000 1989	Saison	variété d'hiver variété de printemps	2000 1960
	Moutarde blanche	C	2002	Tolérance aux nématodes		1991
	Moutarde brune					
	Navette fourragère	C	<=1975	Saison	variété d'hiver variété de printemps	<=1962 <=1966
	Radis fourrager	C	2003	Tolérance aux nématodes		1987
	Soja	C	1989	Précocité	très précoce très précoce à précoce précoce précoce à demi précoce demi précoce précoce intermédiaire demi tardif demi tardif à tardif tardif	
	Tournesol	C	<=1975	Structure génétique	hybride simple hybride 3 voies populations	1971 1978 <=1971
		C	1977	Précocité	très précoce précoce demi-précoce demi-tardif	
		C	1995-1998	Formes modifiées non OGM	Résistance au mildiou	1997

Groupe	Espèces	Rubrique officielle (R) ou Catégorie du Catalogue français (C)	Date de création de la rubrique ou de la catégorie dans le catalogue français	Catégorie du catalogue français ou rubriques officielles	Caractéristiques	Date d'inscription de la 1 ^{ère} variété ayant cette caractéristique
		R	1996	Résistance aux 3 races de mildiou	variété officiellement déclarée résistante à trois races de mildiou (100, 703, 710)	1991
		R	2004	Résistance aux 4 races de mildiou	variété officiellement déclarée résistante à quatre races de mildiou (100, 703, 710, 304)	1991 (Domino)
		R	Rubrique : 1988-89/ Catalogue en 1992	Variété à haute teneur en acide oléique		1989 (ARES)
		R	Rubrique : 1988 / Catalogue : 1995	Variété de tournesol de bouche	1995	1995
Plantes Fourragères	Brome	C	1979 ?	Type variétal	brome cathartique brome sitchensis	1979 1982
	Dactyle	C	<=1975	Précocité	très précoce demi-précoce intermédiaire demi-tardif tardif très tardif	
		C	2003	Type variétal	variété de dactyle de type composite hybride	2002
	Fétuque élevée fourragère	C	<=1975	Précocité	très précoce précoce demi-précoce intermédiaire demi-tardive tardive	1957 1957 1981 1991 1966 1980
		C	1977 ?-1978	Hybridation	Hybride <i>Festilolium</i>	1977
		C	1976- ?1978	Type variétal	Type méditerranéen	1976

Groupe	Espèces	Rubrique officielle (R) ou Catégorie du Catalogue français (C)	Date de création de la rubrique ou de la catégorie dans le catalogue français	Catégorie du catalogue français ou rubriques officielles	Caractéristiques	Date d'inscription de la 1 ^{ère} variété ayant cette caractéristique
	Fétuque des prés					
	Féverole	C	<=1975	Saison	variété d'hiver variété de printemps	1974 1962
	Fléole des prés	C	<=1975	Précocité	précoce ½ précoce ½ tardive tardive	
	Lotier corniculé					
	Lupin blanc	C	1988-89	Saison	variété d'hiver variété de printemps	1988 <=1988
	Lupin bleu	C	2004	Saison	variété d'hiver variété de printemps	2004
	Luzerne	C	1989	Type variétal	zone nord ou flamande zone sud ou méditerranéenne Polder de l'ouest	
		C	1993	Usages	adapté à la pâture	
	Phacélie					
	Pois fourrager	C	<=1975	Saison	variété d'hiver variété de printemps	
	Pois protéagineux (rubrique en 1976)	C		Usages	production de graines	
		C		Saison	variété d'hiver variété de printemps	1976 ? 1978
		C		Couleur	grain jaune grain vert	1976 ? 1978
	Ray-grass anglais fourrager	C	<=1975	Ploïdie	diploïde tétraploïde	1957 1965
		C	<=1975	Précocité	précoce	

Groupe	Espèces	Rubrique officielle (R) ou Catégorie du Catalogue français (C)	Date de création de la rubrique ou de la catégorie dans le catalogue français	Catégorie du catalogue français ou rubriques officielles	Caractéristiques	Date d'inscription de la 1 ^{ère} variété ayant cette caractéristique
					demi-précoce intermédiaire demi-tardif tardif très tardif	
	Ray-grass hybride	C	<=1975	Ploïdie	diploïde tétraploïde	1957 1974
	Ray-grass d'Italie	C	<=1975	Ploïdie	diploïde tétraploïde	1957 1965
		C	<=1975	Alternativité	alternatif non alternatif	
			1999			alternatif de courte durée
	Rutabaga					
	Sainfoin	C	<=1975	Type variétal	sainfoin double = 2 coupes Sainfoin intermédiaire sainfoin simple = 1 coupe	1967 1968 1967
	Trèfle blanc	C	<=1975 (géant)	Type variétal	nain Intermédiaire entre hollandicum et ladino géant (giganteum)	1988 1986 1966
	Trèfle hybride					
	Trèfle incarnat					
	Trèfle violet	C	<=1975	Ploïdie	diploïde tétraploïde	<=1962 1966
	Vesce commune	C		Saison	variété d'hiver variété de printemps	
	Vesce velue	C	<=1996	Saison	vesce d'hiver	1993
Espèces A Gazon D'agrément Et De Sport	Agrostide ténue et stolonifère	C	1975 : blanche et ténue	Type variétal	agrostide blanche	1975
			1977 -78 : stolonifère		agrostide stolonifère	1977

Groupe	Espèces	Rubrique officielle (R) ou Catégorie du Catalogue français (C)	Date de création de la rubrique ou de la catégorie dans le catalogue français	Catégorie du catalogue français ou rubriques officielles	Caractéristiques	Date d'inscription de la 1 ^{ère} variété ayant cette caractéristique
					agrostide ténue ou commune	1975
	Fétuque élevée à gazon					
	Fétuque ovine	C	<=1975	Type variétal	fétuque ovine durette feuilles menues pseudoovine	1974 1974 1974
	Fétuque rouge	C	<=1975 : gazonnante et traçante 1981 : demi-traçante	Type variétal	gazonnante traçante demi-traçante	1967 1967 1967
	Fléole bulbeuse					
	Pâturin des prés					
	Pâturin commun					
	Ray-grass anglais à gazon	C	<=1996	Divers	tous les Ray-grass anglais à gazon sont diploïde sauf Juventus qui est tétraploïde.	Juventus : 1991
Pomme de Terre	Pomme de terre	C	<=1975	Usages	consommation féculière consommation à chair ferme	1935 1953 1935

Tableau 12b : Catégories recensées dans le Catalogue français pour les espèces potagères

Espèces	Catégories au Catalogue français	Caractéristiques	Dates d'apparition de la catégorie au Catalogue français
Ail	Structure génétique	population clone	1991 1991
	Test sanitaire : virus	indemne d'OYDV non indemne d'OYDV	1991 1991
Artichaut			
Asperge	Structure génétique	hybride non hybride	1996
Aubergine	Structure génétique	variété fixée variété hybride	1973
Betterave potagère	Structure génétique	hybride non hybride (1952)	1994 : 1er Hybride
Cardon			
Carotte potagère	Structure génétique	hybride non hybride	1973
Carotte fourragère	Structure génétique	hybride non hybride	
Céleri branche *	Structure génétique	hybride non hybride	1984
Céleri rave	Structure génétique	hybride (pas d'hybride) non hybride	1992
Cerfeuil			
Chicorée à Larges feuilles	Structure génétique	hybride non hybride	1991
	Type variétal	A couper Chioggia Pain de sucre Trévise Vérone	1991 (mais dès 1952 au catalogue : il y avait des variétés inscrites de type Trévise, à couper, Pain de sucre)
Chicorée frisée			
Chicoré scarole			
Chicorée Witloof ou Endive	Structure génétique	hybride non hybride	1989
Chou de Bruxelles	Structure génétique	hybride non hybride	1973
Chou Brocoli	Structure génétique	hybride non hybride	1991
Chou cabus	Structure génétique	hybride non hybride	1973
Chou rouge	Structure génétique	hybride non hybride	1979

Espèces	Catégorie de rubriques	Rubriques	Dates d'apparition de la rubrique
Chou rave	Structure génétique	hybride non hybride	1999
Chou de Milan	Structure génétique	hybride non hybride	1973
Chou-fleur	Structure génétique	hybride non hybride	1981 1973
	Couleur de la pomme	blanche verte <i>orange</i>	2003 2003 2005
	Type variétal	alpha australien automne brocoli type Angers (1973) intégré dans Hiver en 1986-87 Erfurt Florablanca hiver italien malines méridional parisien romanesco	1973 1973 à 2002 1990 1973 à 1985 1973 1973 à 1990 1986 1973 1973 1973 1973 2001
Chou frisé			
Chou rouge	Structure génétique	hybride non hybride	
Concombre	Structure génétique	hybride non hybride	1973
	couleur de l'épine	épine noir épine blanche	1958
	couleur du poil	poil blanc poil noir	1958
Cornichon	Structure génétique	hybride non hybride	1973
Courgette	Structure génétique	hybride non hybride	1973
Echalote	type	allongée aplatie ronde 1/2 longue brun-rougeâtre grise rosée	1996
Epinard	Structure génétique	hybride non hybride	1973
Fenouil	Structure génétique	hybride non hybride	1985
Fève			

Espèces	Catégorie de rubriques	Rubriques	Dates d'apparition de la rubrique
Fraisier	remontée	non remontant remontant particulièrement remontant	Rubrique : 1984 mais les types existaient avant
Haricot nain	gousse	jaune verte	1985
	grain	blanc coloré	
	type	coco filet grain mangetout	1992
Haricot à rames	gousse	jaune verte violette	1985
	grain	blanc coloré	1985
	type	coco filet grain mangetout	1976
Laitue	Type variétal	à couper batavia pommée romaine et grasse	1952
	Couleur de la graine	blanche noire	
	Type de culture	pleine terre serre mixte (pleine terre et serre)	
Lentille			
Mâche			
Melon	Structure génétique	hybride non hybride	1973
Navet			
Oignon	Structure génétique	hybride non hybride	1973
	Type variétal	oignon échalion	1997
	Couleur du bulbe	blanc jaune rose rouge	1952 ?
Pastèque ou Melon d'eau	Structure génétique	hybride non hybride	1987
Persil			

Espèces	Catégorie de rubriques	Rubriques	Dates d'apparition de la rubrique
Piment, Poivron	Structure génétique	hybride non hybride	1973
Poireau			
Poirée			
Pois chiche			
Pois potager	Précocité	Variétés de printemps Variétés d'hiver	1952-1984
	Type variétal	pois rond ou lisse pois mangetout (sans parchemin) pois ridé	1952 ou 1971?
	Couleur du grain	jaune vert à tégument coloré	1952 ou 1971?
Potiron	Structure génétique	hybride non hybride	1991
Radis	Type variétal	rave (appelé avant 1992 : radis d'été, d'automne et d'hiver tous les mois	1960 1960
	Structure génétique	hybride non hybride	1977
	Longueur de la racine	demi-long rond long	1969
	Couleur de l'hypocotyle	blanc jaune noir rose violet unicolore bicolore	1960? 1960? 1960 1960 1960
Scorsonère			
Tomate	Structure génétique	hybride non hybride	1973

* Fusion en 1992 des listes existantes depuis 1973 : Céleri à côtes et céleri à couper en céleri Branches

Tableau 13 : Durée de vie des variétés depuis l'ouverture du Catalogue (années)

Durée de vie en années	1985	1990	1995	2000	2005
Arbres fruitiers	15.2	15.2	17.0	20.4	22.9
Betteraves et Chicorée Industrielle	7.9	9.3	10.1	11.2	11.5
Céréales à paille	8.8	8.6	9.2	9.2	9.0
Colza et autres Crucifères	9.3	10.8	10.3	10.9	12.0
Lin et Chanvre	9.7	12.8	15.7	12.2	14.1
Maïs et Sorgho	6.6	7.2	7.7	8.2	8.2
Plantes fourragères et à gazon	9.9	10.2	9.6	10.5	11.8
Plantes Potagères et Maraîchères	14.4	14.8	13.3	13.4	14.0
Plantes protéagineuses	8.7	4.9	7.7	9.3	7.7
Pommes de Terre	15.9	15.1	16.2	16.4	16.7
Tournesol, Soja et Ricin	4.2	4.5	5.5	6.4	7.0
Vigne	6.3	9.4	12.5	17.3	22.2
Moyenne pondérée	12.0	12.3	12.3	13.3	14.5

Tableau 14 : Espèces potagères : durée de vie des variétés au Catalogue français (années)

nb var. radiées % var.	Nbre de variétés inscrites	Radiées avant 1980	Radiées avant 1985	Radiées avant 1990	Radiées avant 1995	Radiées avant 2000	Radiées avant 2005	Soit 50 % des variétés radiées entre :
Inscription entre >1975 et <=1980	271	11 4,06	84 31,00	127 46,86	165 60,89	189 69,74	214 78,97	12 et 17 ans
Inscription entre >1980 et <=1985	273		24 8,79	42 15,38	114 41,76	156 57,14	209 76,56	13 et 18 ans
Inscription entre >1985 et <=1990	464			12 2,59	130 28,02	230 49,57	319 68,75	10 et 15 ans
Inscription entre >1990 et <=1995	732				66 9,02	264 36,07	501 68,44	7 et 12 ans
Inscription entre >1995 et <=2000	1018					77 7,56	500 49,12	5 et 10 ans
Inscription entre >2000 et <=2005	1013						177 17,47	

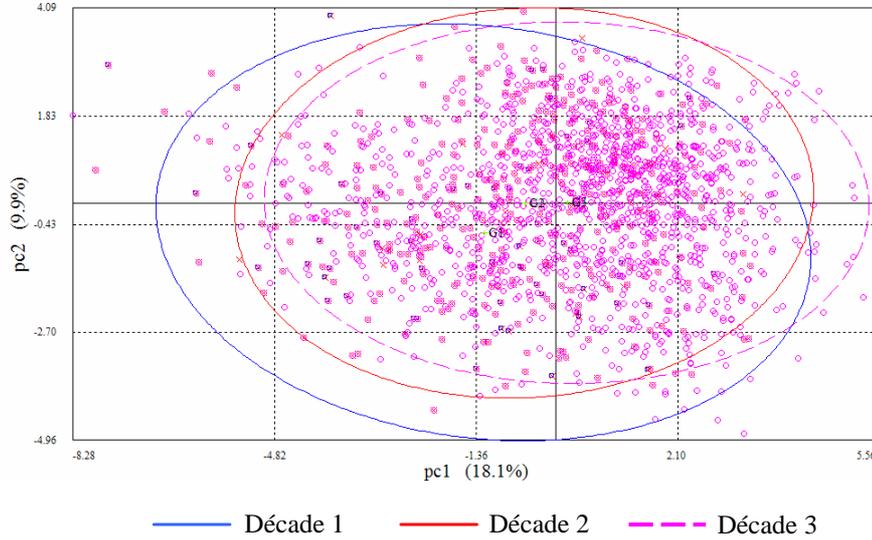
Tableau 15 : Grandes cultures : évolution du nombre de variétés en production et de la part des 5 premières variétés en production.

Espèces	Indicateur	1984	1986	1988	1990	1992	1994	1996	1998	2000	2002
Grandes cultures	Part des 5 premières variétés	76%	75%	74%	70%	68%	64%	63%	61%	59%	57%
Céréales à pailles	Nombre de variétés	409	318	482	499	541	592	673	709	745	754
	Part des 5 premières variétés	81%	78%	77%	74%	72%	77%	70%	69%	69%	67%
Maïs et sorgho	Nombre de variétés	347	422	533	641	855	1049	1220	1516,5	1730	1925
	Part des 5 premières variétés	65%	63%	65%	60%	51%	49%	45%	46%	47%	33%
Fibres et oléagineux	Nombre de variétés	155	201	243	298	368	482	928	903	878	865
	Part des 5 premières variétés	89%	91%	92%	88%	90%	73%	84%	81%	77%	75%
Fourragères	Nombre de variétés	423	450	530	609	702	804	900	950	1000	1045
	Part des 5 premières variétés	87%	84%	80%	72%	77%	70%	71%	65%	58%	71%
Pomme de terre	Nombre de variétés	124	144	149	168	159	175	200	233,5	310	296
	Part des 5 premières variétés	58%	59%	56%	54%	50%	49%	45%	45%	43%	36%

FIGURES

Partie II

MAIS



Floraison mâle + tardive
Plante + longue
Epi + long

Changements qualitatifs

Figure 1 : Maïs : ellipse de tolérance réalisée suite à l'analyse ACP sur 25 caractères phénotypiques
 Les ellipses contiennent 95% des observations par décade.

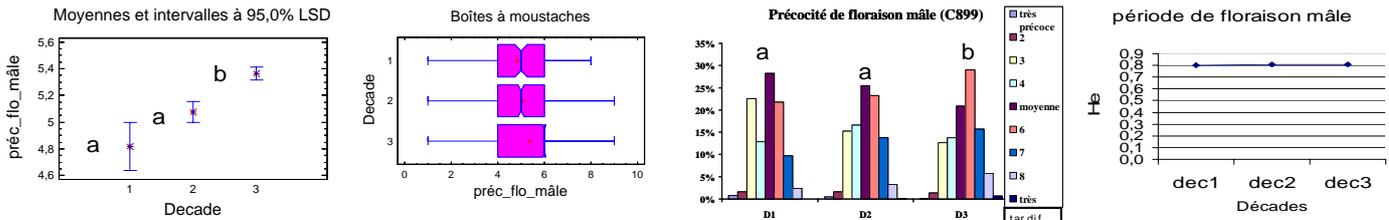


Figure 2 : Maïs : analyse statistique de la précocité de la floraison mâle :

Figure 2a : Moyenne, IC, ANOVA Figure 2b : Boîte à moustaches Figure 2c : Distribution des notes et test X^2 Figure 2d : Diversité de Nei

POIS

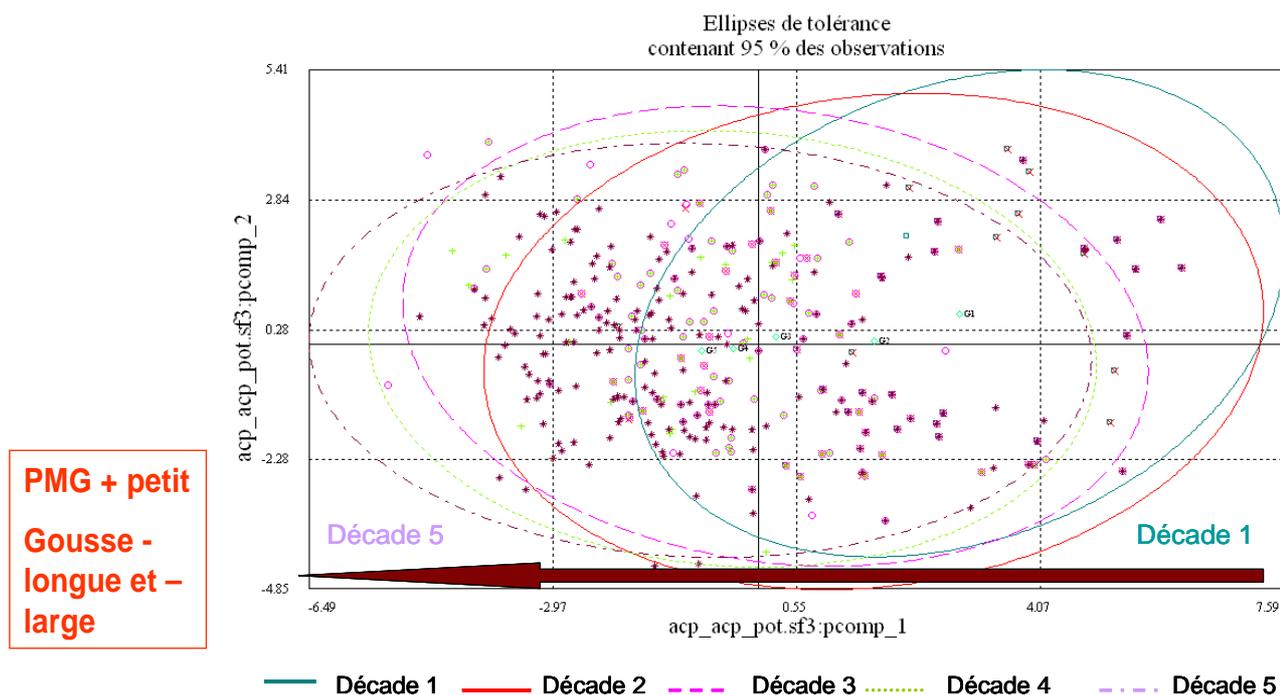


Figure 3 : pois potager : ellipse de tolérance réalisée suite à l'analyse ACP sur 22 caractères phénotypiques. Les ellipses contiennent 95% des observations par décade.

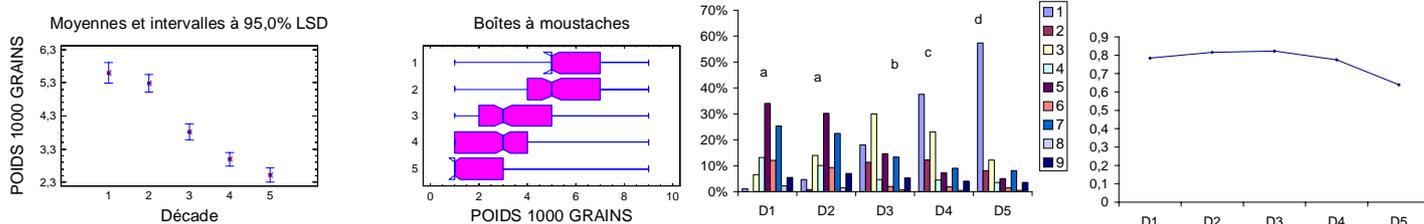


Figure 4 : Pois potager : analyse statistique du poids de mille grains : Figure 4a : Moyenne, IC, ANOVA Figure 4b : Boîte à moustaches Figure 4c : Distribution des notes et test X² Figure 4d : Diversité de Nei

Partie III

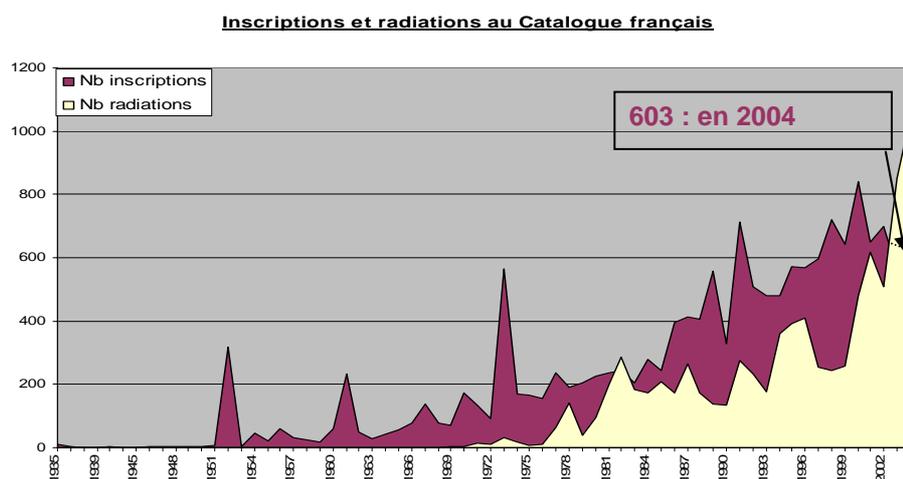
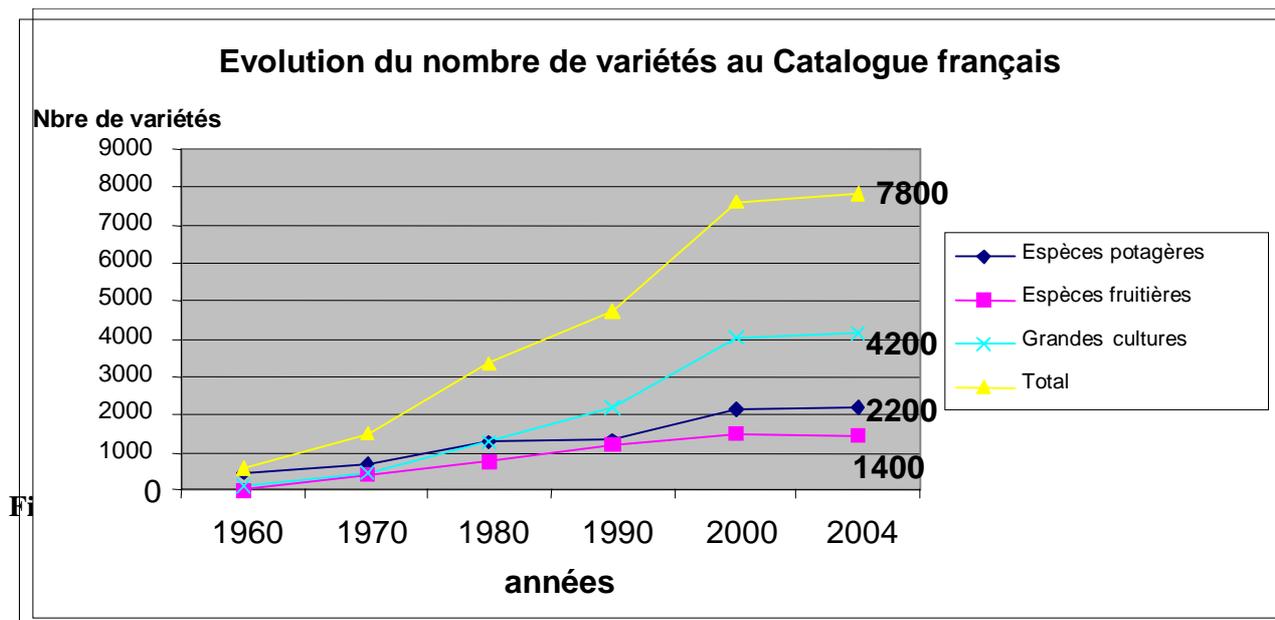


Figure 6 : Flux variétal entre le nombre d'inscriptions et le nombre de radiations de 1933 à 2004.
 (Source : base indicateur d'activités SEV)

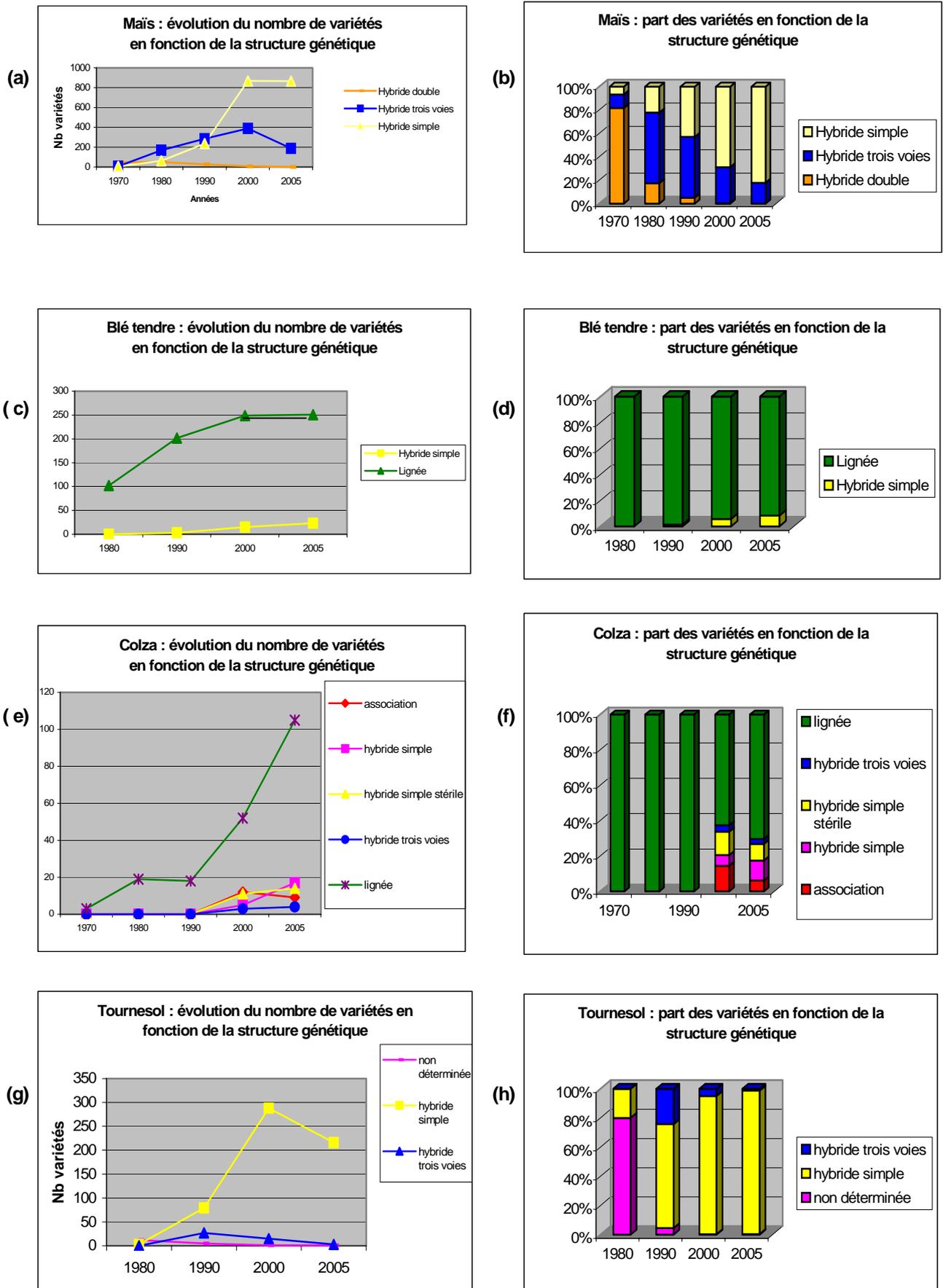


Figure 7 : Grandes cultures : évolution du nombre de variétés et de la part des variétés en fonction de la structure génétique pour le maïs (a et b), le blé tendre (c et d), le colza (e et f), le tournesol (g et h).

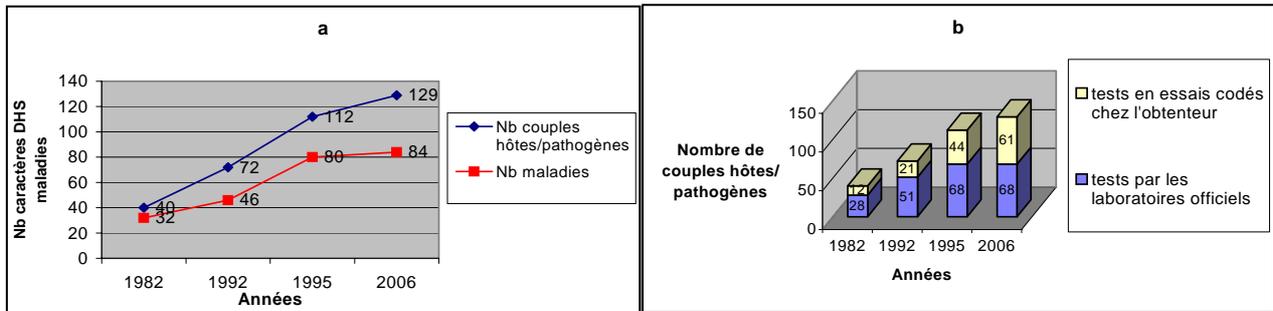


Figure 8 : Espèces potagères : évolution du nombre de caractères de résistance aux maladies pris en compte en DHS, de 1982 à 2006

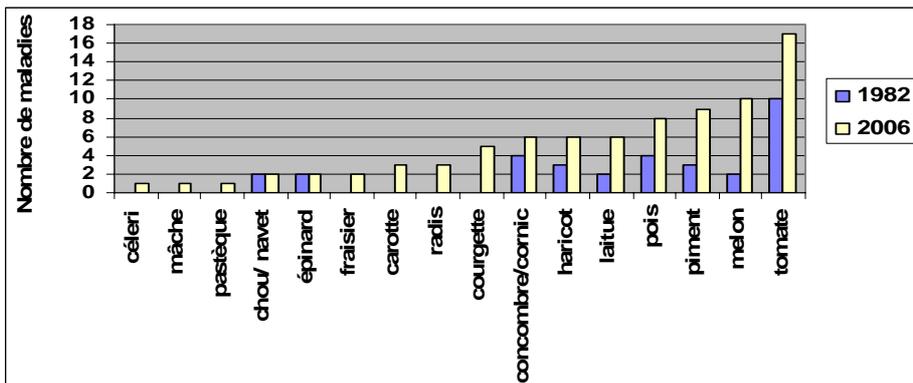


Figure 9 : Espèces potagères : Evolution du nombre de maladies prises en compte dans les tests DHS, par espèce, de 1982 à 2006

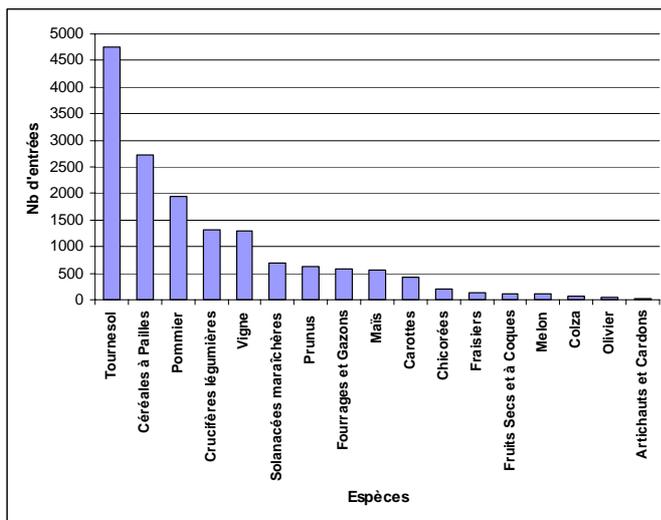


Figure 10 : Nombre d'entrées en Collection nationale

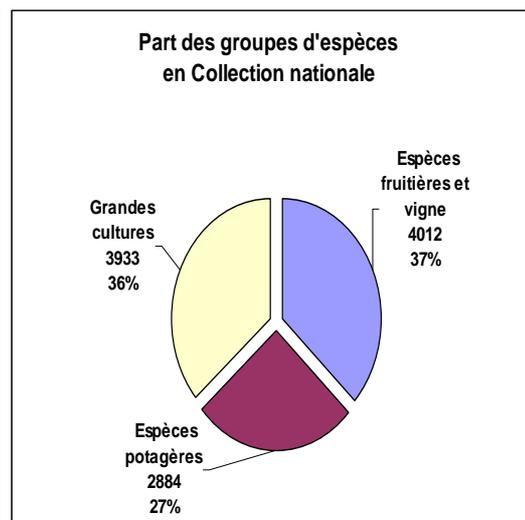


Figure 11 : Part des groupes d'espèces en Collection nationale

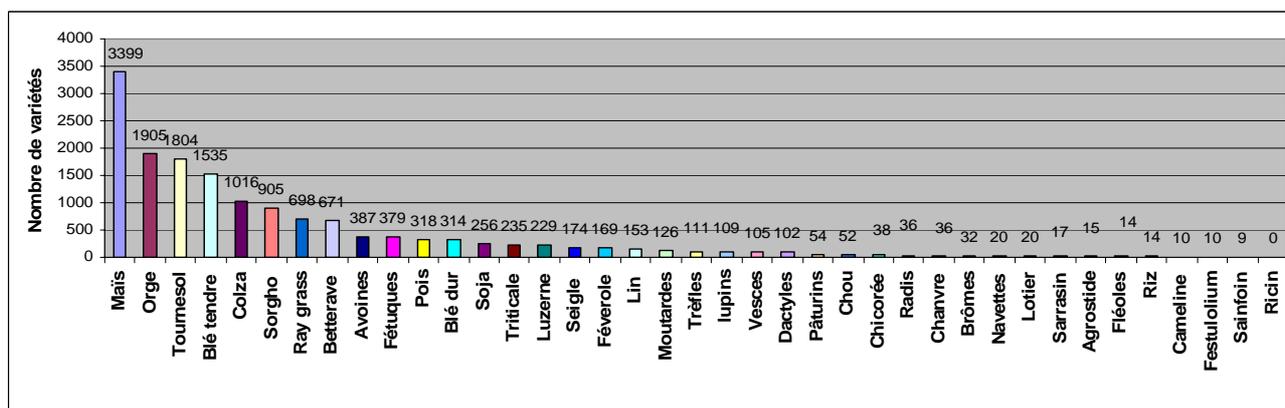


Figure 12: Grandes cultures : nombre de variétés en collection de référence au GEVES, en 2005 (hors hybrides)

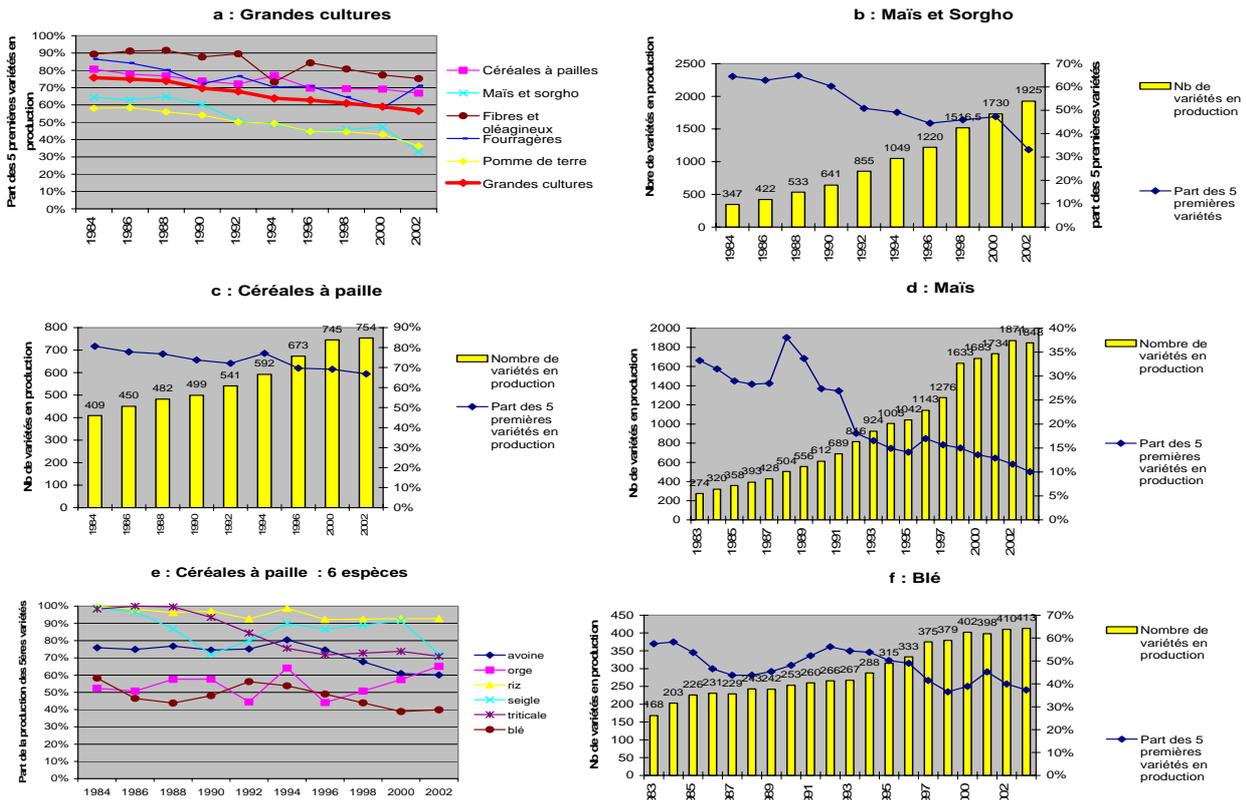


Figure 13: Evolution de la part de production des 5 premières variétés et du nombre de variétés en production pour les grandes cultures (a), le maïs et le sorgho (b), les céréales à paille (c et e), le maïs (d) et le blé (f).

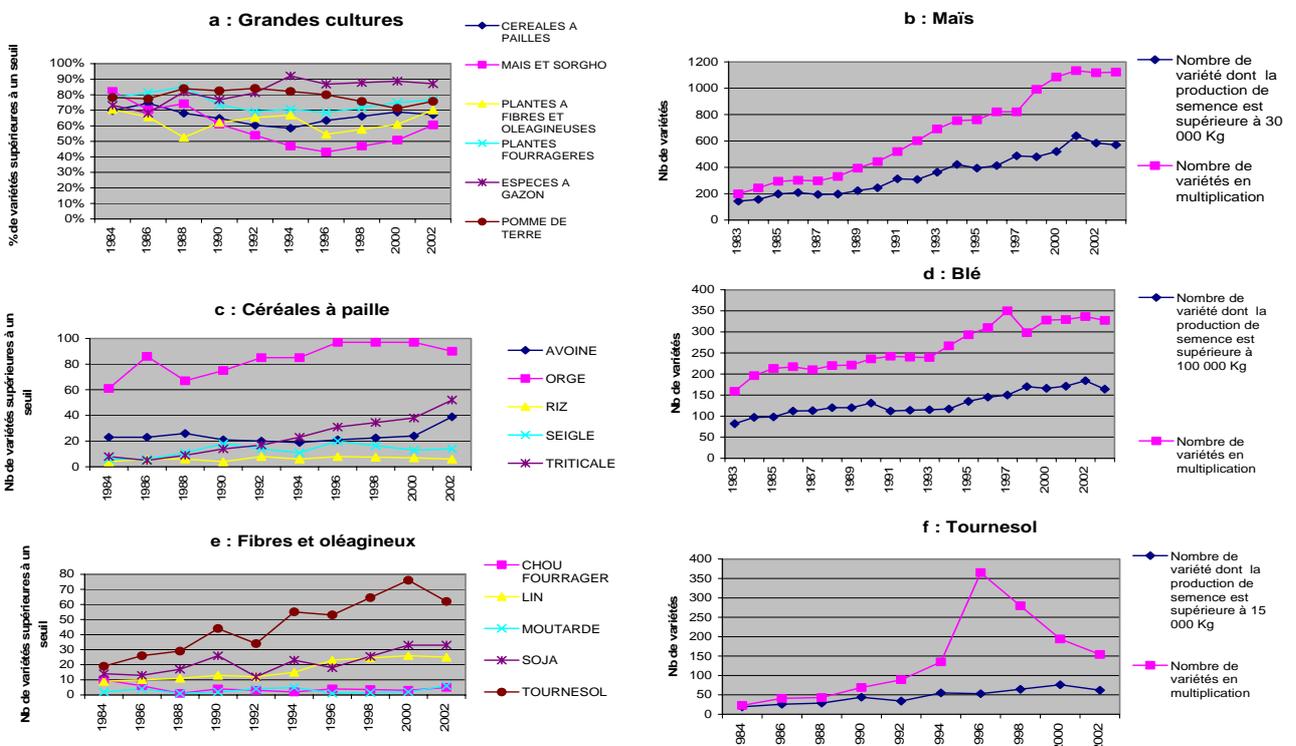


Figure 14 : Evolution du pourcentage et du nombre de variétés dont la production est supérieure à un seuil limite de production, pour les espèces de grandes cultures (a), le maïs (b), les céréales à paille (c), le blé (d), les fibres et oléagineux (e), le tournesol (f)

Références bibliographiques :

- Baranger A, Aubert G, Arnau G, Lainé AL, Deniot G, Potier J, Weinachter C, Lejeune-Hénaut I, Lallemand J, Burstin J (2004) Genetic diversity within *Pisum sativum* using protein- and PCR-based markers. *Theor Appl Genet* 108:1309-1321
- Burstin J (2004) Genetic diversity within *Pisum sativum* using protein- and PCR-based markers. *Theor Appl Genet* 108:1309-1321
- Cousin R. (1974) Le pois. Etude génétique des caractères, classification, caractéristiques variétales portant sur les variétés inscrites au catalogue officiel français. INRA éditions, Paris : 111 p.
- Cousin R. (1996) Le pois variabilité, objectifs de sélection. *Le Courrier de l'environnement*. Sauve qui peut n°08. 6 pages. <http://www.inra.fr/Internet/Produits/dpenv/cousis08.htm>
- Dagnélie P (1986) *Théorie et methods statistiques*, vol 2. Duculot, Gembloux, France, p 385.
- Doré C, Varoquaux F. (2006, sous presse) Histoire et l'amélioration de cinquante plantes cultivées au 20^{ème} siècle. Editions INRA, Paris.
- Dubreuil P, Charcosset A (1998) Genetic diversity within and among maize populations: a comparison between isozyme and nuclear RFLP loci. *Theor Appl Genet* 96: 577-587.
- Dubreuil P, Charcosset A (1999) Relationships among maize inbred lines and populations from European and North-American origins as estimated using RFLP markers. *Theor Appl Genet* 99: 473-480
- Dubreuil P, Dillmann C, Warburton M, Crossa J, Franco J, Baril C (2003) User's manual for the LCDMV software (Calculation Software of Molecular Distances between Varieties) for fingerprinting and genetic diversity studies. CIMMYT, First edition April 2003, 21 p.
- Donini P, Law JR, Koebner RMD, Reeves JC, Cooke RJ (2000) Temporal trends in the diversity of UK wheat. *Theor Appl Genet* 100: 912-917
- Excoffier L, Smouse PE, Quattro JM (1992) Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics* 131:479-491.
- Fu BY, Peterson GW, Scoles G, Rossnagel B, Schoen DJ and Richards KW (2003) Allelic diversity changes in 96 canadian oat cultivars released from 1886 to 2001. *Crop Science* 43: 1989-1995
- Gay JP (1984) *Fabuleux maïs- Histoire et avenir d'une plante*, AGPM, Pau, 295 p.
- GEVES (1995) *Description et classification des variétés de Pois*. ISBN : 2-910171-24-8
- Goudet, J. 2001. FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices (version 2.9.3). Available from <http://www.unil.ch/izea/software/fstat.html>. Updated from Goudet (1995).
- Hennink S, Zeven AC (1991) The interpretation of Nei and Shannon-Weaver within population variation indices. *Euphytica* 51:235-240.
- Khlestkina EK, Huang XQ, Quenum JB, Chebotar S, Röder MS, Börner A (2004) Genetic diversity in cultivated plants-loss or stability? *Theor Appl Genet* 108: 1466-1472
- Koebner RMD, Donini P, Reeves JC, Cooke RJ, Law JR (2003) Temporal flux in the morphological and molecular diversity of UK barley. *Theor Appl Genet* 106: 550-558
- Lallemand J (2004) *Evaluation de la diversité génétique d'espèces cultivées*. HDR, Université de Poitiers, 450 p.

- Le Clerc V, Bazante F, Baril C, Guiard J, Zhang D (2005) Assessing temporal changes in genetic diversity of maize varieties using microsatellite markers. *Theor Appl Genet.* 110: 294-302
- Le Clerc V, Cadot V, Canadas M, Lallemand J, Guérin D, Boulineau F (2006) Indicators to assess temporal genetic diversity in the French Catalogue: no losses for maize and peas. *Theor Appl Genet.* On line (DOI: 10.1007/s00122-006-0368-1).
- Lorgeou J, Souverain F (2003) Atlas agroclimatique du maïs. 110 p.
- Lu H, Bernardo R (2001) Molecular marker diversity among current and historical maize inbreds. *Theor Appl Genet* 103: 613-617
- Luciani A., 2004. Le maïs fourrage. Dans : Etude du progrès génétique chez différentes espèces de grande culture. Rapport global, GEVES : 131-153.
- Maccaferri M, Sanguineti MC, Donini P, Tuberosa R (2003) Microsatellite analysis reveals a progressive widening of the genetic basis in the elite durum wheat germplasm. *Theor Appl Genet* 107: 783-797
- Manifesto MM, Schlatter AR, Hopp HE, Suarez EY, Dubcovsky J (2001) Quantitative evaluation of genetic diversity in wheat germplasm using molecular markers. *Crop Science* 41: 682-690
- Metakovsky EV, Branlard G, (1998) genetic diversity of French common wheat germplasm based on gliadin alleles. *Theor Appl Genet* 96: 209-218
- Nei M (1973) Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proc Natl Acad Sci USA* 70: 3321-3323.
- Nei M (1978) Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics* 89:583-590.
- Nei M (1987) *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia University Press, New York.
- Pitrat M, Foury C (2003) Histoire de légumes, des origines à l'orée du XXI^e siècle. INRA Editions, Nancy. 409 p.
- Roussel V, Koenig J, Beckert M, Balfourier F (2004) Molecular diversity in French bread wheat accessions related to temporal trends and breeding programmes. *Theor Appl Genet* 108: 920-930.
- Schneider S, Roessli D, Excoffier L (2000) Arlequin ver. 2.000: A software for population genetics data analysis. *Genetics and Biometry Laboratory, University of Geneva, Switzerland.*
- Shannon CE, Weaver W (1949) The mathematical theory of communication. The University of Illinois. Urbana, Chicago, London, pp. 3-24
- Spitze K (1993) Population structure in *Daphnia obtusa*: quantitative genetic and allozymic variation. *Genetics* 135: 367-374.
- Srinivasan CS, Thirtle C and Palladino P (2003) Winter wheat in England and Wales, 1923-1995: what do indices of genetic diversity reveal? *Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization* 1:43-57
- Weir BS, Cockerham CC (1984) Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution* 38:1358-1370.