



LA LETTRE BIMENSUELLE :

No. 2.3 : 5 novembre 2014

« Brèves de paillassse » :

1. [Une méta-analyse sur l'impact des OGM \(Klümper & Qaim, 2014\)](#)
2. [Hétérosis chez le maïs : nouvelles pierres à l'édifice](#)
3. [Vers un colza hexaploïde ?](#)

AVANT PROPOS :

L'avant propos des Lettres précédentes reste d'actualité, mais pour cette Lettre, j'ai choisi le mode « Brèves de paillassse », par analogie avec les « Brèves de comptoir » : que les lecteurs utilisant comme champ de bataille la pépinière ou le champ d'essai et non la paillassse des travaux de biologie moléculaire ne sentent pas exclus, bien au contraire : il s'agit d'un clin d'œil.

N'hésitez pas à me faire part de vos observations et critiques : [contact](#).

Brèves de paillassse :

I. Une méta-analyse sur l'impact des OGM ([Klümper & Qaim, 2014](#)) :

Dans cette méta-analyse publiée le 3 novembre dernier (revue PloSOne, [accessible librement](#)), deux chercheurs de l'Université allemande de Göttingen s'appuient sur 147 résultats d'essais ou d'observations publiés sur trois espèces (soja, maïs, coton) en prenant en compte la productivité, le coût de production et le profit pour l'agriculteur, mais aussi – et c'est la première fois du fait que des données sont maintenant accessibles sur ce critère – la consommation de pesticides (quantité et coût).

Les résultats obtenus parlent d'eux-mêmes : *“On average, GM technology adoption has reduced chemical pesticide use by 37%, increased crop yields by 22%, and increased farmer profits by 68%. Yield gains and pesticide reductions are larger for insect-resistant crops than for herbicide-tolerant crops. Yield and profit gains are higher in developing countries than in developed countries.”* (Voir Figure 1 pour les résultats détaillés)

Nous revenons ci-dessous rapidement sur deux aspects méthodologiques de ce travail :

- **Sources de données** : Les auteurs ont procédé à l'aide de mots-clefs à une recherche sur ISI Web of Knowledge (production académique) mais aussi sur Google Scholar, EconLit, et AgEcon Search, qui contiennent aussi des sources du type « documents de travail » et rapports publics pour diverses institutions. Ils justifient d'avoir pris en compte ce second type de source en soulignant notamment que de fait, ils influencent tout autant le débat public que la littérature académique. Les sources ont été filtrées (de façon sévère : 24079 références initiales -> 147 études retenues) selon quatre critères de pertinence. La description de l'un de ces critères manque un peu de clarté : *“ The study is an **empirical** investigation of the agronomic and/or economic impacts of GM (crops) ...”*, en ce sens que le terme **empirical** peut prêter à confusion. L'ambiguïté est levée par la suite : les résultats d'essais sont bien également pris en compte (voir point suivant et Figure 2). Des résultats

disponibles sur colza, betterave et papaye ne sont pas retenus du fait de leur faible effectif. Il est souligné que parfois, à partir d'un même ensemble de données primaires, des études ont abouti à des résultats différents, du fait de questions posées ou méthodologies déployées différentes. Dans ce cas, les différents résultats ont été pris en compte.

Table 2. Impacts of GM crop adoption by modified trait.

| Outcome variable | All GM crops | Insect resistance | Herbicide tolerance |
|-----------------------|-------------------------------|-------------------------------|-------------------------------|
| Yield | 21.57*** (15.65; 27.48) | 24.85*** (18.49; 31.22) | 9.29** (1.78; 16.80) |
| <i>n/m</i> | 451/100 | 353/83 | 94/25 |
| Pesticide quantity | -36.93*** (-48.01; -25.86) | -41.67*** (-51.99; -31.36) | 2.43 (-20.26; 25.12) |
| <i>n/m</i> | 121/37 | 108/31 | 13/7 |
| Pesticide cost | -39.15*** (-46.96; -31.33) | -43.43*** (-51.64; -35.22) | -25.29*** (-33.84; -16.74) |
| <i>n/m</i> | 193/57 | 145/45 | 48/15 |
| Total production cost | 3.25 (-1.76; 8.25) | 5.24** (0.25; 10.73) | -6.83 (-16.43; 2.77) |
| <i>n/m</i> | 115/46 | 96/38 | 19/10 |
| Farmer profit | 68.21*** (46.31; 90.12) | 68.78*** (46.45; 91.11) | 64.29 (-24.73; 153.31) |
| <i>n/m</i> | 136/42 | 119/36 | 17/9 |

Average percentage differences between GM and non-GM crops are shown with 95% confidence intervals in parentheses. *, **, *** indicate statistical significance at the 10%, 5%, and 1% level, respectively. *n* is the number of observations, *m* the number of different primary datasets from which these observations are derived.
doi:10.1371/journal.pone.0111629.t002

Figure 1 : (Source : Klümber & Qaim, 2014) Impact de l'utilisation des OGM sur différents critères et selon le type d'évènements.

- **Variables mesurées et modèle d'analyse :** Pour chaque critère pris en compte (rendement, quantité et coût des pesticides, coût de production et marge brute pour l'agriculteur), l'effet OGM/non OGM est mesuré en pourcentage. Le modèle linéaire retenu pour l'analyse prend en compte l'hétérogénéité des sources de données (ex : OGM pour la résistance aux insectes vs. autres évènements, essais / résultats d'enquêtes, ...) au travers de variables qualitatives {0/1} (Figure 2).

L'utilisation de ce modèle permet donc de tester l'influence de ces facteurs sur l'impact mesuré : Il est ainsi montré que, contrairement aux critiques souvent formulées sur l'« impartialité » des travaux soutenus par l'industrie, la variable « Industry funded study » n'est pas significative. De même, il est montré que les résultats provenant de sources académiques sont en moyenne plus favorables aux OGM que ceux provenant de sources « grises ».

En synthèse, et bien qu'il ne fasse pas de doute que cet article sera controversé, il nous semble être de nature à apporter une contribution objective au débat, voire à servir de support de communication dans les relations entre les entreprises semencières et leurs clients, tant il est vrai que de toutes façons, la communication sur des bases beaucoup moins solides est devenue la mode...

II. Hétérosis chez le maïs : deux nouvelles pierres à l'édifice :

La première Lettre mentionnait les travaux de [Thiemann et al. \(2014\)](#) sur l'implication des zones péri-centromériques dans le contrôle génétique de l'hétérosis chez le maïs. Ce résultat est conforté par l'étude très riche de [Technow et al. \(2014\)](#).

Table 1. Variables used to analyze influencing factors of GM crop impacts.

| Variable name | Variable definition |
|-----------------------------|---|
| Insect resistance (IR) | Dummy that takes a value of one for all observations referring to insect-resistant GM crops with genes from <i>Bacillus thuringiensis</i> (Bt), and zero for all herbicide-tolerant (HT) GM crops. |
| Developing country | Dummy that takes a value of one for all GM crop applications in a developing country according to the World Bank classification of countries, and zero for all applications in a developed country. |
| Field-trial data | Dummy that takes a value of one for all observations building on field-trial data (on-station and on-farm experiments), and zero for all observations building on farm survey data. |
| Industry-funded study | Dummy that takes a value of one for all studies that mention industry (private sector companies) as source of funding, and zero otherwise. |
| Regression model result | Dummy that takes a value of one for all impact observations that are derived from regression model estimates, and zero for observations derived from mean value comparisons between GM and non-GM. |
| Journal publication | Dummy that takes a value of one for all studies published in a peer-reviewed journal, and zero otherwise. |
| Journal/academic conference | Dummy that takes a value of one for all studies published in a peer-reviewed journal or presented at an academic conference, and zero otherwise. |

doi:10.1371/journal.pone.0111629.t001

Figure 2 : (Source : [Klümber & Qaim, 2014](#)) : Variables qualitatives utilisées corriger les données brutes (% OGM/non OGM pour le rendement, etc...) en fonction du type des données sources. Voir l'analyse détaillée de ces différents facteurs à la Table 3 de l'article original, accessible en ligne.

Située dans le contexte de la sélection génomique, ce travail est focalisé sur la relation « Dent * Flint », plutôt à destination des pays du Nord de l'Europe, mais s'appuie sur une base de données phénotypiques très importante (1254 hybrides du programme de sélection de l'Université d'Hohenheim cf. figure 3, 131 combinaisons « année * lieu » sur 14 années).

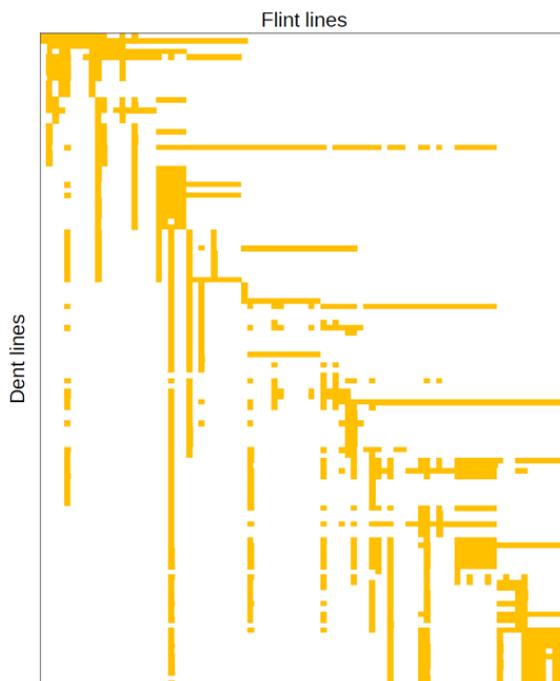


Figure S1 Schematic illustration of factorial. Schematic view of factorial of 123 Dent and 66 Flint lines for illustration purposes. The lines appear in approximately chronological order. Produced and tested hybrids are indicated by orange squares.

Figure 3 : (Source : [Technow et al., 2014, Supplementary data S1](#)) Représentation schématique du plan de croisement factoriel {Dent * Flint} utilisé pour l'entraînement du modèle de sélection génomique. A noter qu'évidemment, tous les hybrides n'ont pas été testés dans toutes les 131 combinaisons {années * lieux}, mais seulement 95 d'entre elles (15 lignées Dent * 11 lignées Flint).

L'objet de cette « brève » n'est pas d'approfondir les aspects de ce travail concernant la méthodologie de la sélection génomique proprement dite, mais de mettre en exergue deux de ses conclusions :

- Du fait du profond déséquilibre de liaison dans les zones péri-centromériques, la valeur prédictive des SNP est relativement bien conservée d'un fond génétique à l'autre. Cela devrait encourager à pooler les résultats de plans de croisements impliquant des fonds génétiques différents dans l'élaboration du set d'entraînement de la sélection génomique. Les auteurs soulignent que ceci serait particulièrement pertinent lorsque la densité de génotypage est élevée¹.
- Les résultats de ce travail amènent les auteurs à remettre en cause (« *Paradigm shift* ») une procédure standard clef de la sélection des hybrides, à savoir la sélection des lignées parentales sur la base de leur aptitude à la combinaison avec un nombre limité de testeurs – qui sont d'ailleurs souvent des lignées parentales éprouvées d'hybrides commerciaux, ce qui *de facto* enferme, en quelque sorte, le programme de sélection. On imagine effectivement que le développement de la sélection génomique pourrait permettre de changer de paradigme : (i) un set d'entraînement impliquant pour chaque lignée parentale une diversité plus grande de conjoints (cf. plan factoriel plus large que des croisements {lignées * testeurs}), avec une certaine redondance par la présence de lignées apparentées, (ii) un set de prédiction constitué largement – mais pas seulement (?), car cela permettrait aussi d'explorer de nouvelles pistes – d'apparentés aux membres du set d'entraînement.

A noter également, sur la thématique de l'hétérosis, la publication de [Guo et al., \(2014\)](#), qui s'appuie sur un dispositif expérimental de « population F2 immortelle » (figure 4) en maïs. Ce dispositif, initialement développé chez le riz ([Hua et al., 2003](#)) présente la différence, par rapport au travail mentionné précédemment, de se placer dans le contexte d'une certaine consanguinité entre les parents des hybrides, puisque qu'y sont effectués des croisements entre RIL dérivés d'une même F1. Il n'est de ce fait pas étonnant que cette dernière étude mette en évidence fréquemment des effets de dominance et d'épistasie, alors qu'une part prépondérante de l'hétérosis est déjà en quelque sorte « intégrée » dans la part additive de la valeur hybride (aptitude générale à la combinaison) dans le schéma précédent.

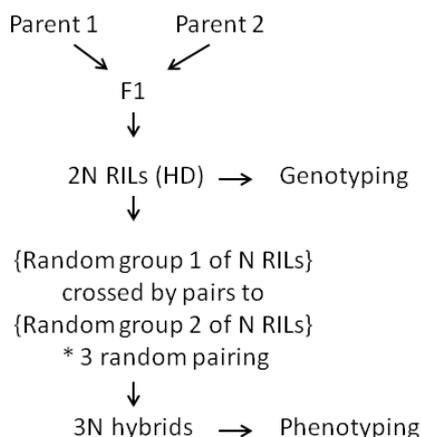


Figure 4 : (D'après [Guo et al., 2014](#)). Schéma de développement d'une population « immortalisée F2 » en vue de l'analyse de l'hétérosis.

¹ Dans le même temps, il semble nécessaire que figurent parmi les lignées parentales du set d'entraînement et du set de prédiction des lignées suffisamment apparentées. L'article n'exprime pas très clairement si on parle là de l'appariement des lignées entre elles au sein de chaque set, ou entre sets. Dans le premier cas, il est vraisemblable que la présence de matériel apparenté dans le set d'entraînement évite, grâce à une densité de génotypage suffisante, la sélection de « faux SNP ». Le second cas est plus intuitif. Quoiqu'il en soit, ce résultat amène à restreindre le degré de « pooling » de différents sets d'entraînement, ainsi que la base génétique visée par la prédiction.

III. Vers un colza hexaploïde ?

Le travail de [Mason et al., \(2014\)](#) s'inscrit dans la perspective de créer un « colza » hexaploïde à partir des trois espèces allo-tétraploïdes du Triangle de U (Figure 5). Les auteurs rappellent qu'il ne s'agit pas là d'une exploration récente, puisqu'elle avait été entreprise dès la moitié du vingtième siècle. L'étude consiste à analyser par différentes techniques la descendance d'une plante hexaploïde fertile issue du croisement (*B. napus* * *B. carinata*) * *B. juncea*. La panoplie de techniques déployées (cytométrie de flux, FISH, génotypage SNP) permet aux auteurs d'établir que, probablement du fait d'une certaine redondance entre génomes, il n'y a pas de corrélation entre la régularité caryotypique et la fertilité. Ces travaux se situent certes très en amont de la création d'un nouveau germplasm allo-hexaploïde dans le genre Brassica, mais ils identifient clairement les ressources et outils à mettre en œuvre pour le développer.

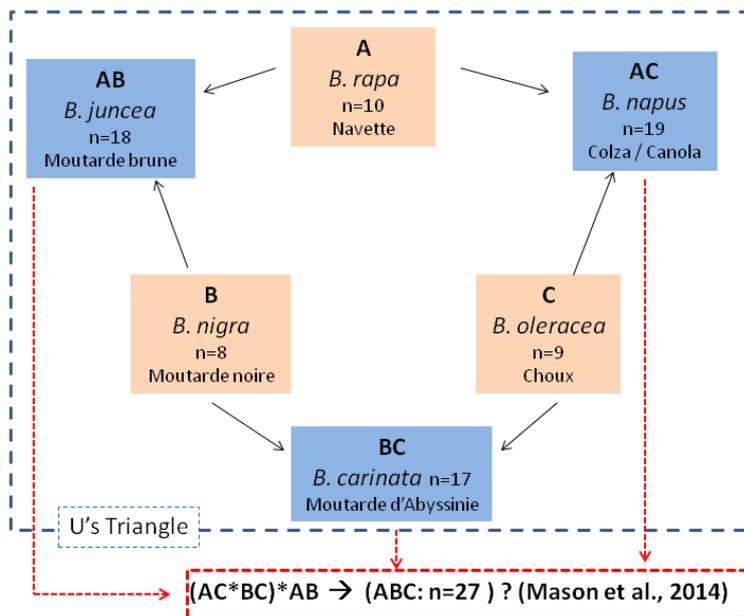


Figure 5 : (d'après [Masson et al., 2014](#)) : Développement de matériel allo-hexaploïde dans le genre Brassica, en relation avec le triangle de U.

Deux autres travaux récents donnent des éclairages intéressants sur cette problématique :

- Le premier ([Cheng et al., 2014](#)) retrace, dans une revue très documentée et [accessible publiquement](#), l'historique des triplications de génomes intervenues bien en amont des espèces diploïdes (A,B,C, cf ci-dessus) du genre Brassica, sur les bases moléculaires qu'ont rendu disponibles les séquençages des différentes espèces en relation avec les données disponibles sur *A. thaliana*. Les auteurs concluent que cet évènement ancêtre de triplication a largement piloté les évolutions ultérieures et la diversité des morphotypes parmi les espèces cultivées du genre Brassica.
- Un second facteur important, également référencé dans le travail ci-dessus, est l'effet de « dominance » entre génomes dupliqués, tant en ce qui concerne le nombre de gènes que le niveau d'expression de ces gènes ([Woodhouse et al., 2014](#)). De plus cette dominance apparaît transmise aux espèces apparues ultérieurement. Il est proposé que ce phénomène soit expliqué par la construction d'un patchwork de régulation, au cours de l'évolution, impliquant les transposons situés physiquement près de certains gènes et leur silencing par des petits ARN.

Références :

Cheng F, Wu J, Wang X (2014) Genome triplication drove the diversification of Brassica plants. [Horticulture Research 1: 14024](#)

Guo TT, Yang N, Tong H, Pan QC, Yang XH et al. (2014) Genetic basis of grain yield heterosis in an "immortalized F-2" maize population. [TAG 127 \(10\): 2149-2158](#)

Hua JP, Xing YZ, Wu WR, Xu CG, Sun XL et al. (2003) Single-locus heterotic effects and dominance by dominance interactions can adequately explain the genetic basis of heterosis in an elite rice hybrid. [PNAS 100 \(5\): 2574-2579](#)

Klümper W, Qaim M. (2014) A Meta-Analysis of the Impacts of Genetically Modified Crops. [PLoS ONE 9 \(11\) : e111629](#).

Mason AS, Nelson MN, Takahira J, Cowling WA, Alves GM et al. (2014) The Fate of Chromosomes and Alleles in an Allohexaploid Brassica Population. [GENETICS 197 \(1\): 273-283](#)

Technow F, Schrag TA, Schipprack W, Bauer E, Simianer H, Melchinger AE. (2014) Genome Properties and Prospects of Genomic Prediction of Hybrid Performance in a Breeding Program of Maize. [GENETICS 197 \(4\): 1343-1355](#)

Thiemann A, Fu J, Seifert F, Grant-Downton RT, Schrag TA, et al. (2014) Genome-wide meta-analysis of maize heterosis reveals the potential role of additive gene expression at pericentromeric loci. [BMC Plant Biology 14:88](#)

Woodhouse MR, Cheng F, Pires JC, Lisch D, Freeling M et al. (2014) Origin, inheritance, and gene regulatory consequences of genome dominance in polyploids. [PNAS 111 \(14\) : 5283-5288](#)