

MODELISATION DES EFFETS DES SYSTEMES DE CULTURE SUR LES FLUX GENIQUES HORS DE NOUVELLES VARIETES DE COLZA VERS LES REPOUSSES. INTEGRATION ET ÉVALUATION DES EFFETS VARIETAUX.

MODELLING THE EFFECTS OF CROPPING SYSTEM ON GENE FLOW BETWEEN RAPESEED VARIETIES AND VOLUNTEERS. INTEGRATION AND EVALUATION OF GENOTYPE EFFECTS.

A. FARGUE ^(1, 3), **N. COLBACH** ⁽²⁾, **J.M. MEYNARD** ⁽¹⁾, **M. RENARD** ⁽³⁾, **J. PIERRE** ⁽⁴⁾,
F. ANGEVIN ⁽⁵⁾, **J. CHAMPOLIVIER** ⁽⁶⁾

(1) UMR d'Agronomie, INRA INA P-G, BP 01, 78850 Thiverval-Grignon

(2) Unité de Malherbologie-Agronomie, INRA, BP 86510, 17 rue Sully, 21065 Dijon cedex

(3) UMR INRA/ENSAR, Amélioration des plantes et Biotechnologies végétales. INRA, Domaine de la Motte, BP 35327, 35653 Le Rheu cedex

(4) UMR INRA/ENSAR, Bio 3P, BP 35327, 35653 Le Rheu cedex

(5) INRA-DGAP, GEVES, La Minière 78285 Guyancourt cedex

(6) CETIOM, Centre de Grignon, BP 4, 78850 Thiverval-Grignon

RESUME

L'objectif du modèle GENESYS est d'évaluer l'effet des systèmes de culture sur le flux de gènes de nouvelles variétés de colza, et plus particulièrement de celles résistantes à un herbicide, vers les repousses de colza, dans le temps et dans l'espace. Les variables d'entrée du modèle sont le parcellaire régional comprenant champs cultivés et bordures de champs et de route, la succession culturale dans chaque champ et les techniques culturales de chaque culture. Les variables de sortie sont, pour chaque année et chaque champ ou bordure, le nombre d'individus par m² et les proportions génotypiques des plantes adultes, de la production semencière et du stock semencier. Le modèle comprend (a) un sous-modèle temporel simulant le cycle

annuel, en nombre et en proportions génotypiques, des plantes cultivées et repousses de colza dans chaque parcelle et chaque année en fonction du système de culture, (b) un sous-modèle spatial déterminant les quantités de pollen et de graines échangées entre parcelles, en fonction de leurs tailles et de la distance les séparant. Afin d'étudier l'effet sur le flux de gènes des caractéristiques variétales, en interaction avec le système de culture, des expérimentations ont été conduites ces dernières années en vue de l'intégration des effets variétaux dans le modèle. Sont intégrés plus particulièrement les effets (1) de la morphologie florale sur la dispersion du pollen et le taux d'autogamie, (2) l'effet de la hauteur des repousses et des

cultures sur la production de pollen et le rendement des unes et des autres, respectivement. La quantification de l'hérédité

de ces caractères nécessite l'introduction de nouveaux gènes dans le modèle, en plus du gène codant pour la résistance à l'herbicide.

SUMMARY

The aim of the GeneSys model is to evaluate the effects of cropping systems on gene flow from new oilseed rape varieties, particularly herbicide tolerant ones, to rape volunteers, in time and in space. The input variables of the model are (a) the regional field plan that integrates both cultivated fields and uncultivated road and field margins ("borders"); (b) the crop succession in each field and (c) the cultivation techniques used to manage each crop and border. The main output variables are, for each simulated year and field or border, the number of individuals per m² and the genotypic proportions for adult plants, seed production and seed bank left after harvest. The model comprises (a) a temporal sub-model simulating the annual life-cycle consisting of numbers and genotype proportions for both cultivated and volunteer

rape plants in each plot and for each year, depending on the cropping system; and (b) a spatial sub-model calculating the proportions of pollen and seeds exchanged between plots, depending on their areas and the distance between them. In order to analyse the effects on gene flow of cultivar characteristics, in interaction with cropping system, field experiments were carried out. Then the results were integrated into the model. We have designed new sub-models that quantify the effects of (1) flower morphology on pollen emission and self-pollination rates; and of (2) rape volunteer and canopy height on their respective pollen and seed production. In addition, to model the heredity of these characteristics, GeneSys, which formerly handle just the herbicide tolerance gene now handles several new genes.

INTRODUCTION

Le colza fait partie des premières espèces cultivées pour lesquelles des autorisations de mise en culture de variétés transgéniques ont été sollicitées. Or, chez cette espèce, ces nouveaux gènes peuvent se disséminer (a) dans le temps, *via* des repousses provenant de graines perdues avant ou pendant la récolte d'une culture de colza, (b) dans l'espace, *via* le pollen et, dans une moindre mesure, des semences. L'apparition de repousses de colza porteuses d'un transgène peut provoquer une gêne importante par la suite : un gène codant pour la tolérance à un herbicide sera à l'origine de repousses difficiles à éliminer aussi bien dans les cultures de même espèce que dans toute autre culture employant le même herbicide ; des repousses porteuses d'un transgène modifiant les caractéristiques du produit récolté peuvent potentiellement compromettre la qualité des récoltes ; dans un contexte de méfiance de certains consommateurs vis-à-vis des produits issus d'OGM, elles peuvent empêcher un produit agricole de bénéficier d'un éventuel label "non-OGM".

La maîtrise des repousses de colza est très difficile. À cause de l'aspect spatial et pluriannuel, il est complexe d'analyser ce problème uniquement par voie expérimentale. Nous avons donc choisi la modélisation (Colbach et Meynard, 1996 ; Colbach *et al.*, 2001a, 2001b) afin d'évaluer la dispersion de gènes au niveau de systèmes de culture régionaux, d'identifier à long terme les systèmes de culture à fort risque de flux de gènes et de proposer des systèmes minimisant ce risque au niveau d'une région agricole. Dans le travail présenté ici, nous nous sommes concentrés plus particulièrement sur la quantification et l'évaluation des effets sur le flux génique des caractéristiques variétales du colza, en interaction avec les pratiques culturales.

Structure du modèle GENESYS-Colza

Les variables d'entrée des modèles sont (a) un plan parcellaire (quelques kilomètres carrés), incluant chemins et routes dont les bordures sont souvent colonisées par le colza ; (b) les successions culturales sur chacune des parcelles ; (c) les dates et modalités de certaines techniques culturales (déchaumage, travail du sol, dates et densité de semis, désherbage, modalités de récolte, fauche des bordures et jachères) et (d) certaines caractéristiques variétales. Dans la première version du modèle, ces caractéristiques comprenaient essentiellement la présence d'un transgène de résistance à un herbicide. Depuis, de nouveaux gènes ont été rajoutés qui entrent dans la détermination (1) du taux

d'autogamie, (2) de la production de pollen, (3) de l'émission de pollen, (4) de la formation des semences et des fleurs des repousses de colza en fonction de leur environnement (autre variété de colza, blé d'hiver, jachère, bordure...).

Ces variables d'entrée influent sur le cycle annuel des plantes de colza cultivées et repousses (stock semencier, plantules, adultes, floraison, production semencière) qui est simulé pour chaque champ et bordure de la région ; au cours de ce cycle, les parcelles s'échangent pollen et graines en fonction des dates de floraison, de la distance entre les parcelles et de leur taille respective. En sortie, GeneSys calcule l'évolution, sur chaque champ et chaque bordure, du stock semencier, des plantes de colza ainsi que leur production semencière pour les 50 années qui suivent le début de la simulation. Le génotype de ces plantes et graines (présence ou non du transgène dans le génome, gènes codant pour les autres caractères) est simulé en fonction des caractéristiques variétales, de la pression exercée par les herbicides et des échanges de pollen et de graines entre parcelles.

Paramétrisation des effets variétaux

Des expérimentations ont été mises en place de 1999 à 2001 pour étudier le taux d'autogamie, la production et l'émission de pollen ainsi que la production de graines sur une dizaine de variétés commercialisées ou en cours de développement à l'INRA de Rennes (naines, cléistogames).

Les résultats des essais montrent, d'une part, une augmentation du taux d'autogamie de la valeur moyenne de 70 % chez le colza classique à 95 % chez le colza cléistogame (à fleurs fermées). D'autre part, le taux d'autogamie dépend aussi de la hauteur des repousses de colza situées un couvert de colza cultivé. Plus ces repousses sont petites, plus leur taux d'autogamie est faible. De même, une relation entre la compétitivité des repousses et leur hauteur relative au couvert dans lequel elles se situent a été mise en évidence. Ainsi, le nombre de fleurs par plante et le rendement des repousses diminuent d'autant plus que la différence entre la hauteur des repousses (variant de 80 à 140 cm) et celle du couvert est grande. Des équations basées sur ces résultats sont introduites dans le modèle. De nouveaux gènes sont également ajoutés afin de déterminer la hauteur et la cléistogamie des plantes et gérer l'hérédité de ces caractères entre générations.

Simulations

Le modèle peut maintenant être utilisé pour étudier l'effet, sur le flux de gènes, de caractéristiques variétales, en interaction avec le système de culture régional. Le parcellaire de la *Figure 1* a ainsi été utilisé pour étudier l'effet des variations du taux d'autogamie et de l'émission de pollen dans deux rotations :

- (1) Colza/Blé/Orge, avec 1/3 de la surface en chaque culture chaque année ;
- (2) Colza/Blé/Colza/Blé/Jachère de printemps, où la région entière est semée en colza à l'année 1, puis en blé à l'année 2 etc. Seule la parcelle centrale (en gris) porte du colza transgénique résistant à un herbicide ; toutes les autres parcelles ne portent que du colza classique sensible. Les bordures de route et de champ sont entretenues avec deux broyages successifs.

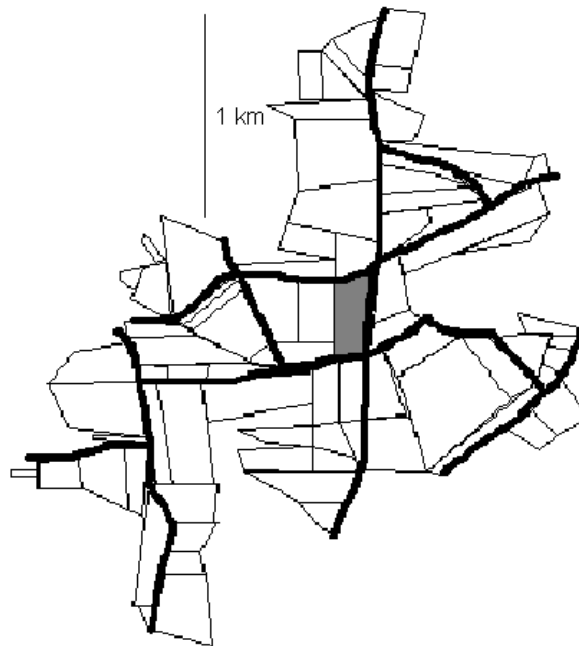


Figure 1. Parcellaire utilisé pour la simulation (■ = Parcelle cultivée tous les 2-3 ans avec un colza transgénique ; — = Bordures de route et de champ)

Tableau. Effet des caractéristiques variétales du colza sur la pollution des récoltes de variétés de colza non-transgénique en fonction de la rotation et l'assolement. Nombre de champs de colza contaminés à plus de 0.1 % en fonction des années de la simulation.

A. Effet du taux d'autogamie							B. Effet du taux d'émission de pollen du colza transgénique relatif à celui du colza classique			
Taux d'autogamie	Rotation 1			Rotation 2			Taux d'émission de pollen	Rotation 1		
	Années			Années				Année		
	1	3	6	1	3	6		1	2	3
0.5	1	4	2	7	7	8	0.1	1	2	3
0.7	1	3	1	10	7	5	0.5	1	2	3
0.9	1	0	1	1	1	0	0.7	2	2	3
1	0	0	0	0	0	0	1	2	3	3

L'augmentation du taux d'autogamie permet de diminuer considérablement les contaminations des récoltes de colza classique par un transgène. Le seuil au-delà duquel les contaminations deviennent négligeables est plus élevé dans les rotations/assolements favorisant la dispersion du gène par le pollen (rotation 2). La diminution de l'émission de pollen chez la variété transgénique permet aussi de diminuer les contaminations du colza classique, mais cet effet est plus faible et semble disparaître au cours du temps.

CONCLUSION

Ces quelques simulations montrent l'intérêt de GENESYS-COLZA pour répondre à des questions de la filière colza, notamment en ce qui concerne la pureté des récoltes de différentes variétés. L'introduction de l'effet des caractéristiques variétales permettra d'identifier des idéotypes permettant aux sélectionneurs de développer des variétés transgéniques (ou d'autres variétés comportant des nouveaux gènes) moins propices aux flux de gènes. Plus simplement, le modèle pourra aussi être utilisé pour étudier la pureté de semences dans des fermes multipliant des semences de colza et de proposer des solutions techniques au niveau de la parcelle permettant de limiter la pollution des semences produites (Angevin *et al.*, 2002).

REFERENCES

- Angevin F., Colbach N., Meynard J.M., Roturier C., 2002. Utilisation des modèles GENESYS-COLZA et MAPOD-Maïs pour raisonner des stratégies de ségrégation de filières et évaluer la faisabilité de certains seuils de pureté dans différents systèmes de culture et de production. *Séminaire de restitution AIP "OGM et environnement", 30 avril 2002 (dans ce recueil)*.
- Colbach N., Meynard J.M., Clermont-Dauphin C., Messéan A., 1999. GENESYS: A model of the effects of cropping system on gene flow from transgenic rapeseed. *Gene Flow and Agriculture - Relevance for transgenic crops, Keele University (UK), 12-14 April 1999*, pp. 89-96.
- Colbach N., Meynard J.M., Clermont-Dauphin C., Champolivier J., Berl M., 2000. GENESYS-COLZA: un modèle des effets des pratiques culturales sur les flux de gènes entre champs de colza et repousses dans un espace agricole au cours du temps. *Rencontres annuelles du CETIOM - "Perspectives", Paris, 29 novembre 2000*, pp. 29-35.
- Colbach N., Clermont-Dauphin C., Meynard J.M., 2001 a. GENESYS: A model of the influence of cropping system on gene escape from herbicide tolerant rapeseed crops to rape volunteers. I. Temporal evolution of a population of rapeseed volunteers in a field. *Agric. Ecosyst. Environ.*, 83, 235-253.
- Colbach N., Clermont-Dauphin C., Meynard, J.M., 2001 b. GENESYS-RAPE. A model of the influence of cropping system on gene escape from herbicide tolerant rapeseed crops to rape volunteers. II. Genetic exchanges among volunteer and cropped populations in a small region. *Agric. Ecosyst. Environ.*, 83, 255-270
- Fargue A., 1999. Maîtrise des risques liés à la mise en culture de plantes transgéniques. Effets des systèmes de culture et des génotypes sur la contamination génétique des récoltes de colza. *Mémoire d'ingénieur agronome INA P-G*

Communications dans des colloques

- Fargue A., Colbach N., Meynard J.M., Renard M., 2000. Modelling genotypes and cropping systems influence on gene flow in rapeseed, 3rd ISHS International Symposium on Brassicas, Wellsbourne, UK, 5-9th september 2000, n° P099.
- Fargue A., Colbach N., Angevin F., Champolivier J., Renard M., Meynard J.M., 2001. GeneSys: Modelling the influence of cropping systems and varieties on transgenic rapeseed volunteers' dispersal, ESF Scientific program: assessment of the impacts of GM plants (AIGM), workshop on "Risk assessment methods for GM plants: current trends and new developments", Ceske Budejovice, Czech republic, 13-15 september 2001, p. 30.