

La biotechnologie est-elle (plus) acceptable quand elle permet de réduire les traitements phytosanitaires ? Comparaison de l'acceptabilité entre deux techniques du génie génétique à partir d'un modèle d'équations structurelles multiniveau

Auteurs

Damien Rousselière, Maître de conférences
Agrocampus Ouest, Institut National d'Horticulture et de Paysage
UMR GRANEM
2, rue André Le Notre 49045 Angers cedex
damien.rousseliere@agrocampus-ouest.fr
Tel. 02 41 22 55 00

Samira, Rousselière, Maître de conférences
ONIRIS,
UP LARGEZIA
Rue de la Géraudière BP 82225 44322 Nantes cedex 3
samira.rousseliere@oniris-nantes.fr
Tel. 02 51 78 55 64

Résumé

La réduction de l'utilisation des pesticides est une des raisons évoquées par les européens pour accepter les nouvelles techniques du génie génétique. A ce titre les nouvelles méthodes de biotechnologie via la transgénèse (transfert horizontal de gènes) ou la cisgénèse (transfert vertical de gènes) du pommier, utilisateur traditionnellement important de traitements phytosanitaires, sont susceptibles d'être bien accueillies par le consommateur suivant les promoteurs de ces techniques. Afin de vérifier l'acceptabilité de ces techniques au cœur des nouvelles stratégies des entreprises d'agbiotech, tout en étant toutefois l'objet d'intenses débats juridiques (assimilation ou non de la technique cisgénique à la technique transgénique) et économiques (application ou non d'un label spécifique, surcoût supporté ou non par les productions « traditionnelles »), nous mobilisons les données de l'Eurobaromètre 2010 73.1 sur la science. Un modèle multiniveau d'équations structurelles est estimé afin de tenir compte de la multidimensionnalité de l'acceptabilité et des effets individuels, nationaux et européens. Les résultats soulignent la persistance de différences nettes entre pays européens et, tout en relevant une forte défiance, une relative plus grande acceptabilité du transfert vertical de gènes comme modalité de réduction des traitements phytosanitaires, par rapport au transfert horizontal.

Mots clés

Biotechnologies agricoles ; transgénèse ; cisgénèse ; Eurobaromètre ; modèle multiniveau d'équations structurelles ; MCMC

JEL

C11 - Bayesian Analysis: General

D12 - Consumer Economics: Empirical Analysis

Introduction

La controverse européenne sur l'acceptabilité des biotechnologies et notamment de leur usage dans l'alimentation se développe depuis les années 1990 (Joly & Marris, 2003; Chaklatti & Rousselière, 2006; Gaskell, et al., 2011). Parallèlement, une équipe internationale (Velasco & al., 2010) vient de décrypter intégralement le génome du pommier (*Malus domestica* L. Borkh) ouvrant la possibilité future à des applications plus poussées du génie génétique alors même que se développent de nouvelles variétés de pomme à partir de la cisgénique (transfert de gène intra-espèce). La dimension de réduction des produits phytosanitaires est souvent invoquée par les consommateurs européens comme la principale qui pourrait les conduire à accepter les OGM comme l'on montré différents travaux (voir (Chaklatti & Rousselière, 2006)). Ceci conduit certains auteurs, et notamment Jacobsen & Shouten (2009), à mettre en avant le potentiel de développement de cette technique, sous réserve que ce qu'ils considèrent comme ayant été des erreurs de communication pour le développement des OGM ne soient pas renouvelées. De nouvelles variétés sont d'ailleurs en cours de développement, comme en Suisse avec la Florina (croisement Rome Beauty, Malus Floribunda, Golden Delicious, Starkin, Jonathan). Dans ce dernier cas, un gène marqueur de résistance aux antibiotiques est implanté au cours de la manipulation génétique afin de différencier en éprouvette les cellules pour lesquelles la modification génétique a abouti et les autres. Les chercheurs ont l'objectif d'intégrer un élément d'ADN produisant un sécateur enzymatique et permettant l'élimination de ce gène antibiotique. Fondée sur un transfert vertical (intra-spécifique) et non plus horizontal (entre espèces différentes), la pomme cisgénique ne possède en outre plus ces gènes marqueurs. Des auteurs comme Jacobsen & Shouten (2009) proposent de ne pas assujettir les organismes ainsi créés à la même législation que les OGM. Le terme de « gene evolution » appliqué à la cisgénèse plutôt que « gene revolution » appliqué à la transgénèse résumerait selon ces chercheurs la plus grande acceptabilité potentielle par les consommateurs de ce type de biotechnologie. La controverse sur cette question a été initiée dans Nature Biotechnology (Schouten, Krens, & Jacobsen, 2006a; 2006b; Schubert & Williams, 2006) et reprise dans d'autres revues d'éthique environnementale (Russel & Sparrow, 2008). Cet article a pour objet de prendre au sérieux cette interrogation à un moment où le développement de nouvelles techniques du génie génétique brouille les catégories scientifiques habituelles du débat (Kuzma & Kokotovich, 2011)

A partir d'une enquête portant sur les sentiments des européens vis-à-vis des biotechnologies (Eurobaromètre 73.1.), nous avons pour objectif de mettre en évidence l'acceptabilité différenciée des différentes techniques génétiques (cisgénique ou transgénique) suivant les pays européens. Un modèle multiniveau d'équations structurelles est estimé afin de tenir compte des effets individuels, nationaux et européens sur l'acceptation de ces techniques. Les résultats soulignent l'importance d'un effet « pays » et, tout en relevant une forte défiance, une relative plus grande acceptabilité du transfert vertical de gènes comme modalité de réduction des traitements phytosanitaires, par rapport au transfert horizontal. Originale au plan empirique, notre contribution l'est également par la méthodologie développée susceptible de prendre en compte la nature complexe des données d'une enquête pan-européenne. Nous mobilisons à ce titre un modèle d'équations structurelles multiniveau, plus parcimonieuse qu'une approche d'équations simultanées (Steele & Goldstein, 2006; Grilli & Rampichini, 2007).

Après une rapide revue de la littérature permettant de situer les termes du débat entre transgénèse et cisgénèse et la spécificité de son application au cas de la pomme, nous présenterons les données mobilisées. Nous explicitons ensuite notre stratégie économétrique. Enfin nous discutons les résultats obtenus en les comparant aux études ayant utilisé des méthodologies similaires ou différentes afin d'en préciser la validité.

Revue de la littérature : 4 propositions sur l'acceptabilité de la transgénèse et de la cisgénèse

En agriculture, les sélectionneurs travaillent en permanence à la création de nouvelles variétés qui combinent les caractéristiques commerciales recherchées et une résistance à des maladies qui détruisent les cultures (intérêt économique) : soit par hybridation classique (technique conventionnelle) ou grâce au génie génétique (cultures GM). L'avantage des variétés GM, par rapport aux variétés conventionnelles, serait de permettre aux agriculteurs de disposer de variétés végétales résistantes aux maladies, aux ravageurs sans un recours intensif aux pesticides souvent dangereux pour l'environnement et pour les paysans. Elles permettraient d'améliorer la qualité du travail agricole par la diminution de la charge de travail et la durée de croissance et sélection variétales. Par conséquent, ces biotechnologies agricoles sont sans doute le domaine qui réunit en elle à la fois autant d'espoirs que de craintes. On s'interroge toujours sur leur impact sur l'environnement, sur la biodiversité, sur la santé humaine, sur les conséquences du transfert de cette technologie vers les paysans des pays en développement et sur la dépendance des agriculteurs en général vis-à-vis des fournisseurs de la technologie.

Voulant répondre au problème du traitement de la maladie de la tavelure du pommier due au développement du champignon *Venturia Inaequalis* ou du milidiou de la pomme de terre causé par *Phytophthora infestans*, la cisgénèse a été défendue comme nouvelle technique du génie génétique dans différentes publications (e.g. (Jacobsen & Schouten, 2009; Bhatti & Jha, 2010). Dans une publication récente, Vanblaere *et al.* (2011) mettent en évidence la création de la première variété de pomme réellement cisgénétique au sens du transfert effectif du gène d'intérêt sans l'ajout de gènes étrangers. Selon ses promoteurs, elle pourrait bénéficier d'une plus grande acceptabilité potentielle par les consommateurs de ce type de biotechnologie. La cisgénèse a l'avantage d'être beaucoup plus rapide que la sélection naturelle mais aussi d'éliminer les facteurs de déviance dus aux liaisons intragéniques. Elle semble « moins controversée » que la transgénèse car les gènes sont transférés (artificiellement) seulement entre des organismes étroitement apparentés et donc qui pourraient être croisés selon des méthodes d'hybridation classiques. Plus précisément, la cisgénèse est la modification génétique d'une plante par le transfert d'un gène naturel provenant d'une plante sexuellement compatible avec laquelle elle pourrait être croisée selon des méthodes d'hybridation classiques (mais avec une diminution de la durée)¹. Alors que dans la transgénèse, on peut utiliser n'importe quel patrimoine génétique (bactéries, animaux, végétaux) pour obtenir les qualités recherchées dans la plante à produire et qu'on ne peut pas obtenir à l'aide de l'hybridation classique, cette technique exclut l'intégration de gènes de résistance antibiotique ou des promoteurs provenant d'organismes étrangers. C'est ce qui est, *en plus de la présence du gène de résistance aux antibiotiques*, la source de controverses.

Certains auteurs (Jochemsen, 2008) avancent que la cisgénèse est différente de la transgénèse car d'une part dans la cisgénèse les gènes candidats d'une plante sont sexuellement compatibles avec la plante désirée et d'autre part, la cisgénèse exclut l'intégration de gènes induisant des résistances aux antibiotiques. Toutefois sur ce dernier point, de nombreuses recherches sont menées pour réduire les nuisances liées à ces gènes pour la transgénèse elle-même (Gambino & Gribaudo, 2012; Chevreau, et al., 2011). Jochemsen (2008) se fonde sur la signification du concept d'espèce et sur le rôle de l'information génétique dans les organismes pour définir l'existence d'une différence au plan éthique entre les deux. La cisgénèse selon ce principe ne transgresserait pas l'identité de l'espèce. Toutefois elle peut porter atteinte à l'intégrité du génôme (si le gène est intégré sur un mauvais locus) puisque cette technique ne permet pas de définir le lieu d'intégration de l'ADN transmis. Dans des rapports et articles récents, la commission européenne classe ce type de technique parmi les huit

¹ Comme le soulignent Molesini *et al.* (2012), une distinction peut donc être faite avec une autre technique, l'intragénèse, pour laquelle la séquence d'ADN introduite peut être une nouvelle combinaison de fragments d'ADN.

techniques d'avenir des biotechnologies, tout en retenant que la technique cispénique est particulièrement proche des techniques transgéniques plus classiques et devrait à ce titre relever de la même réglementation (Lusser, Parisi, Plan, & Rodriguez-Cerezo, 2012).

Les résultats des enquêtes auprès des européens soulignent leurs nombreuses préoccupations en matière scientifique. Les périodes successives ont souligné que depuis les années 1990 une méfiance de plus en plus grande s'installait face à l'application du génie génétique à l'alimentation (Gaskell, et al., 2011). Tout en étant fortement corrélée les unes avec les autres, l'acceptabilité de la biotechnologie diffère fortement selon son domaine d'application (Knight, 2006; Pardo, et al., 2009). Gaskell *et al.* (2004) ont pu souligner que l'absence d'acceptation de certaines techniques est celle de l'absence d'utilité ressentie, ceci est d'autant plus important qu'elles concernent des productions moins transformées comme les fruits et légumes (Knight, 2006). Le fait que la cispénèse puisse être présentée comme une technique susceptible de diminuer les traitements phytosanitaires tout en apparaissant comme un simple prolongement des techniques de sélection précédentes tend à favoriser son acceptabilité (Schenk, et al., 2011). Cette acceptabilité bien que renforcée si cette technique est associée à des caractéristiques d'amélioration nutritionnelle n'est toutefois pas nécessairement dominante (Rozan, Lusk, & Campardon, 2007; Colson & Huffman, 2011). On peut ainsi formuler une première proposition de recherche :

H1. Plus grande acceptabilité de la cispénèse par rapport à la transgénèse, tout en constatant une forte corrélation entre les deux

Avoir un intérêt pour l'environnement peut conduire à voir certaines techniques de manipulation génétique, dès qu'elles sont vues comme un prolongement de techniques plus classiques, comme relativement acceptables. On sait que l'arboriculture fruitière est fortement dépendante des traitements phytosanitaires, les problèmes de sensibilité à la tavelure pouvant imposer de dix à vingt traitements fongiques par an. Les différentes enquêtes soulignent en effet que la pollution diffuse dans l'environnement via les résidus de pesticides devient une préoccupation importante des consommateurs. Un intérêt plus grand pour la science (ou une formation dans ces domaines) conduit à une plus grande acceptabilité des biotechnologies en général et de ces deux techniques en particulier (e.g. (Mielby, Sandoe, & Lassen, 2012; Sturgis, Cooper, & Fife-schaw, 2005; Schenk, et al., 2011)).

H2. Importance des préoccupations environnementales dans l'acceptabilité de la cispénèse

H3. Importance du rapport à la science ou à la biotechnologie en général dans l'acceptation de ces deux techniques de manipulation génétique.

Joly & Marris (2003) s'intéressent à la structuration propre du débat dans chacun des pays, mettant au contraire en évidence des acceptabilités très différentes entre les pays et au sein d'un même pays des acceptabilités différentes des applications. Nayga *et al.* (2006) soulignent par exemple une acceptabilité plus grande des plantes génétiquement modifiées en Corée du Sud qu'aux Etats-Unis, bien que les caractéristiques individuelles ont des influences sensiblement identiques. Ce point est confirmé par les méta-analyses des études d'économie expérimentale soulignant une défiance plus grande du consommateur européen que celle des consommateurs américains ou asiatiques (Lusk, Jamal, Kurlander, Roucan, & Taulman, 2005; Dannenberg, 2009). Les enquêtes européennes (e.g. (Gaskell, et al., 2011)) ou les travaux comparatifs entre pays (e.g. (Joly & Marris, 2003)) soulignent au-delà d'un citoyen européen moyen une grande diversité de configurations nationales. Gaskell *et al.* (2010) ou Bonny (2008) soulignent qu'il existerait une convergence entre les pays européens sur l'attitude générale envers les biotechnologies, avec toutefois le fait que les nouveaux pays intégrant l'Union Européenne auraient des citoyens *a priori* plus favorables. Chaklatti & Rousselière (2006) caractérisent l'effet pays particulier comme étant relatif à des modes diversifiés de justification des

positions vis-à-vis des OGM : le débat propre à chaque pays conduit à rendre légitimes ou non certains points de vue en raison d'une place différenciée des parties prenantes (associations, pouvoirs publics, scientifiques, industriels...). Enfin spécifiquement en ce qui concerne l'intragénèse, Lusk & Rozan (2006; 2008) et Rozan *et al.* (2007) ont montré d'une part une plus grande acceptabilité de cette technique au regard des autres techniques de transfert des gènes et d'autre part de grandes différences entre la France et les Etats-Unis sur ce point

H4. Une part importante de l'hétérogénéité des préférences individuelles envers la cisgénèse et la transgénèse est expliquée par la prise en compte de la dimension nationale.

Présentation des données : l'Eurobaromètre 73.1

Les enquêtes Eurobaromètres spéciaux font l'objet d'études thématiques approfondies réalisées pour le compte de services de la Commission européenne ou d'autres institutions européennes, et intégrées dans les vagues de sondage de l'Eurobaromètre standard. Nous utilisons les données de l'eurobaromètre 73.1 ayant porté sur les attitudes des européens envers la science en 2010. Environ 1000 personnes sont interrogées par pays suivant un principe d'échantillonnage aléatoire à phases multiples (par strates géographiques (infranationales)). L'enquête couvre la population de 15 ans et plus, résidant dans chaque État membre de l'Union européenne, ainsi que dans les pays associés à l'Union Européenne (comme la Norvège, la Suisse ou la Turquie). Ainsi une série de questions a été posée avec une première mise en perspective :

« Des chercheurs européens pensent qu'il existe deux nouvelles méthodes de contrôle des tavelures et du mildiou, maladies courantes des pommes. Ces deux méthodes impliquent que les pommes peuvent être cultivées en utilisant des quantités limitées de pesticides et de réduire ainsi au maximum les résidus de pesticides contenus dans les pommes. »

La transgénèse est présentée de la manière suivante :

« La première technique consiste à introduire artificiellement dans le pommier un gène résistant provenant d'autres espèces, par exemple d'une bactérie ou d'un animal, de manière à le rendre résistant au mildiou et aux tavelures ».

La cisgénèse est présentée de la manière suivante :

« La seconde méthode consiste à introduire artificiellement dans le pommier un gène existant à l'état naturel dans les pommes sauvages et qui les rend résistantes au mildiou et aux tavelures ».

Dans les exploitations faites des données par Gaskell *et al.* (2011), une assimilation est faite entre « transfert vertical des gènes » et cisgénèse d'une part entre « transfert horizontal des gènes » et transgénèse d'autre part. Cette assimilation est juste en grande partie. Elle fait toutefois l'impasse sur une des dimensions de la transgénèse au regard de la cisgénèse qui est de devoir utiliser des gènes marqueurs (non présents dans la cisgénèse). Cette dimension est un des éléments controversé de la transgénèse (mais tendant à disparaître avec l'apparition de gènes marqueurs plus appropriés) et absent de la cisgénèse. En raison de la manière dont les questions ont été posées, il est difficile de penser qu'il s'agisse d'un argument utilisé par les européens pour l'acceptation d'une technique plutôt qu'une autre. Par souci de simplification, on garde les termes « cisgénèse » et « transgénèse » tout en gardant à l'esprit cette dimension.

Le tableau suivant reprend les différents taux d'accord avec les propositions relatives à la manipulation génétique des pommiers. Le premier constat que l'on peut faire est une défiance majoritaire envers ces deux techniques, mettant « mal à l'aise » les personnes interrogées. Dans tous les cas, les européens soulignent la nécessité d'un label pour ces pommes (81% pour le transfert horizontal de gènes et 71% pour le transfert vertical). Le second constat est que les européens

apparaissent plus favorable au transfert vertical de gènes pour les pommiers (taux plus faible de personnes ayant répondu que cela détruisait l'environnement, les mettait mal à l'aise, taux plus élevé de personnes ayant répondu que cela était utile, à encourager).

Tableau 1. Taux d'accord avec différentes propositions relatives à la manipulation génétique des pommiers

Transfert de gènes d'autres espèces	% d'accord	Transfert de gènes de la même espèce	% d'accord
Est une idée prometteuse	42,4%	Est Utile	60,5%
Permet de Manger sain	28,6%	Est Risqué	41,4%
Détruit environnement	43,3%	Détruit environnement	31,2%
Est Non naturel	69,3%	Est Non naturel	52,2%
Met Mal à l'aise	56,8%	Met Mal à l'aise	41,1%
Est A encourager	27,5%	Est A encourager	44,0%
Est A labelliser	81,0%	Est A labelliser	71,1%

On peut essayer d'aborder cette question en se demandant ce qui détermine cette attitude et comment les réponses aux différentes questions vont ensemble. Une hypothèse peut être que la réponse observée à ces questions dépend d'un vecteur de variables observées (sociodémographiques mais aussi de valeurs ou d'intérêts) mais aussi d'une attitude individuelle générale inobservée (dépendent d'un vecteur de facteur individuels) et de l'attitude générale inobservée des concitoyens. Ce dernier point nous conduira à pouvoir essayer de mesurer l'importance de la dimension institutionnelle sur les attitudes individuelles.

Les variables explicatives utilisées sont d'une part des variables sociodémographiques (Age, Sexe, Echelle politique, Situation familiale (couple, taille du ménage), Niveau d'éducation et études en sciences naturelles, Lieu d'habitation), et d'autre part des variables de valeurs : Pratique religieuse, Intérêt pour l'environnement, science, biotechnologie (voir statistiques descriptives en annexe).

La stratégie économétrique : un modèle d'équations structurelles multiniveau

Utiliser un modèle statistique standard n'est pas approprié si les données étudiées ont clairement une structure hiérarchique impliquant notamment que la corrélation intra-groupe est statistiquement significative (Goldstein, 2003). Ceci veut dire que par exemple ne pas tenir compte de ce « quelque chose » de commun qu'ont les habitants d'un même pays vis-à-vis des biotechnologies agricoles et donc de considérer les réponses comme toutes indépendantes conduit nécessaire à biaiser la variance des estimations². On peut utiliser à cet effet les nouveaux modèles factoriels multiniveaux (Goldstein & Browne, 2002; 2005; Goldstein, Bonnet, & Rocher, 2007; Goldstein & Kounali, 2009; Grilli & Rampichini, 2007) qui permettent de traiter de façon conséquence de la multidimensionnalité des rapports des européens aux biotechnologies sans ajout excessif de paramètres.

Pour deux facteurs individuels et deux facteurs nationaux, ce type de modèle s'écrit de la manière suivante (Steele & Goldstein, 2006) :

$$g(y_{rij}) = \sum_{h=1}^H \beta_{h,r} x_{h,ij} + \lambda_{1,r}^{(2)} \eta_{1j}^{(2)} + \lambda_{2,r}^{(2)} \eta_{2j}^{(2)} + \lambda_{1,r}^{(1)} \eta_{1ij}^{(1)} + \lambda_{2,r}^{(1)} \eta_{2ij}^{(1)} + u_{rj} + e_{rij}$$

² Mais pas nécessairement les estimations elles-mêmes (d'où la popularité des « erreurs standards robustes ») sauf en présence de ruptures fondamentales dans l'échantillon. Par exemple que le fait d'être de gauche au Danemark et en France ne signifiant pas la même chose, la relation entre l'attitude politique et l'attitude vis-à-vis des OGM a de grandes chances d'être différente.

Avec $g(\cdot)$ la fonction binaire choisie, $\begin{bmatrix} \eta_{1j}^{(2)} \\ \eta_{2j}^{(2)} \end{bmatrix} \sim N(0, \Omega_n^{(2)})$, $\begin{bmatrix} \eta_{1ij}^{(1)} \\ \eta_{2ij}^{(1)} \end{bmatrix} \sim N(0, \Omega_n^{(1)})$, $u_{rj} \sim N(0, \sigma_{ur}^2)$ et

$$e_{rij} \sim N(0, \sigma_{er}^2). \Omega_n^{(2)} = \begin{bmatrix} \sigma_{n1}^{(2)2} & \sigma_{n12}^{(2)} \sigma_{n2}^{(2)2} \\ \sigma_{n12}^{(2)} \sigma_{n2}^{(2)2} & \sigma_{n2}^{(2)2} \end{bmatrix}, \Omega_n^{(1)} = \begin{bmatrix} \sigma_{n1}^{(1)2} & \sigma_{n12}^{(1)} \sigma_{n2}^{(1)2} \\ \sigma_{n12}^{(1)} \sigma_{n2}^{(1)2} & \sigma_{n2}^{(1)2} \end{bmatrix}$$

$\lambda_{1,r}^{(2)}$ et $\lambda_{2,r}^{(2)}$ correspondent aux poids factoriels de la réponse r sur les deux facteurs au niveau national ; $\lambda_{1,r}^{(1)}$ et $\lambda_{2,r}^{(1)}$ correspondent aux poids factoriels de la réponse r sur les deux facteurs au niveau individuel.

Les variables explicatives utilisées sont, d'une part, des variables sociodémographiques (Age, Sexe, Echelle politique, Situation familiale (couple, taille du ménage), Niveau d'éducation et études en sciences naturelles, Lieu d'habitation)), et, d'autre part, des variables de valeurs : Pratique religieuse, Intérêts pour l'environnement, la science et les biotechnologies. Comme le soulignent Grilli & Rampichini (2007, p. 3), puisque dans les faits le choix de la fonction binaire a souvent peu d'influence sur les résultats, on choisit souvent par commodité la fonction probit puisqu'elle conduit à considérer la variable latente comme gaussienne (d'où un lien avec le modèle factoriel classique). Pour des questions d'identifiabilité du modèle, des hypothèses raisonnables doivent être faites : fixer à une certaine valeur (habituellement l'unité) la variance des facteurs, et fixer à une certaine valeur (habituellement 0), les coordonnées d'une des réponses sur un des facteurs.

D'où

$$\Omega_n^{(2)} = \begin{bmatrix} 1 & \sigma_{n12}^{(2)} \\ \sigma_{n12}^{(2)} & 1 \end{bmatrix}$$

$$\Omega_n^{(1)} = \begin{bmatrix} 1 & \sigma_{n12}^{(1)} \\ \sigma_{n12}^{(1)} & 1 \end{bmatrix}$$

Pour notre exemple, la nullité des coordonnées vient naturellement (sans hypothèses théoriques exorbitantes). On peut en effet regrouper les différentes variables dépendantes en deux facteurs différents d'attitudes par rapport aux pommes : un facteur d'attitude par rapport aux pommes cispéniques et un par rapport aux pommes transgéniques, ces deux facteurs pouvant être également corrélés.

Dans le cadre d'un probit multiniveau, on a en outre

$$e_{rij} \sim N(0,1)$$

Puisque les facteurs ont la même échelle (avec une variance unitaire ici), les poids factoriels (*loadings*) pour une même réponse r peuvent être comparés entre les différents facteurs au même ou à des niveaux différents. Par contre puisque les variables latentes y_{rij}^* ont des échelles différentes, les poids factoriels ne peuvent être comparés entre les réponses. Il est donc nécessaire de les standardiser.

Dans le cadre de réponses estimées par une fonction probit, la variance est égale à (Grilli & Rampichini, Multilevel Factor Models for Ordinal Variables, 2007; Steele & Goldstein, 2006) :

$$Var(y_{rij}^*) = \lambda_{1,r}^{(2)T} \sigma_{n11}^{(2)} \lambda_{1,r}^{(2)} + \lambda_{2,r}^{(2)T} \sigma_{n22}^{(2)} \lambda_{2,r}^{(2)} + \lambda_{1,r}^{(1)T} \sigma_{n11}^{(1)} \lambda_{1,r}^{(1)} + \lambda_{2,r}^{(1)T} \sigma_{n22}^{(1)} \lambda_{2,r}^{(1)} + \sigma_{ur}^2 + 1$$

Avec A^T la matrice transposée de la matrice A .

On peut également réécrire cette formule de la manière suivante :

$$Var(y_{rij}^*) = Var_1(y_{rij}^*) + Var_2(y_{rij}^*)$$

Avec

$$\begin{aligned} Var_1(y_{rij}^*) &= \lambda_{1,r}^{(1)T} \sigma_{n11}^{(1)} \lambda_{1,r}^{(1)} + \lambda_{2,r}^{(1)T} \sigma_{n12}^{(1)} \lambda_{2,r}^{(1)} + 1 \\ Var_2(y_{rij}^*) &= \lambda_{1,r}^{(2)T} \sigma_{n12}^{(2)} \lambda_{1,r}^{(2)} + \lambda_{2,r}^{(2)T} \sigma_{n22}^{(2)} \lambda_{2,r}^{(2)} + \sigma_{ur}^{(2)} \end{aligned}$$

Où $Var_1(y_{rij}^*)$ est la variance au niveau 1 (celui de l'individu) et $Var_2(y_{rij}^*)$ est la variance au niveau 2 (celui du pays)

On peut établir un *ICC* (coefficient de corrélation résiduelle (ou conditionnelle) intraclasse (*ICC*)). pour la réponse r correspondant à la variance expliquée par le niveau pays :

$$ICC_r = \frac{Var_2(y_{rij}^*)}{Var(y_{rij}^*)}$$

Ce coefficient donne le pourcentage de la variance dans l'acceptation pris en compte par l'inclusion d'un niveau et permet de mesurer une partie de ces effets contextuels.

De même on peut comme pour tout modèle factoriel calculer les communautés, c'est-à-dire la part de la variance pour la réponse r expliquée par les facteurs (autrement dit la proportion de variance que la réponse r a en commun avec les autres réponses). Elles s'établissent de la manière suivante :

$$Com_r = \frac{(\lambda_{1,r}^{(2)T} \sigma_{n12}^{(2)} \lambda_{1,r}^{(2)} + \lambda_{2,r}^{(2)T} \sigma_{n22}^{(2)} \lambda_{2,r}^{(2)}) + (\lambda_{1,r}^{(1)T} \sigma_{n11}^{(1)} \lambda_{1,r}^{(1)} + \lambda_{2,r}^{(1)T} \sigma_{n12}^{(1)} \lambda_{2,r}^{(1)})}{Var(y_{rij}^*)}$$

C'est-à-dire :

$$Com_r = \frac{Com_r^{(2)} + Com_r^{(1)}}{Var(y_{rij}^*)}$$

La communauté totale est la somme des communautés du niveau pays ($Com_r^{(2)}$) et du niveau individuel ($Com_r^{(1)}$).

Par ailleurs, les poids factoriels standardisés peuvent être calculés de la manière suivante :

$$\gamma_r^{(l)*} = \frac{\gamma_r^{(l)}}{\sqrt{Var(y_{rij}^*)}}$$

Avec $\gamma_r^{(l)}$ le vecteur des poids factoriels de l'ensemble des facteurs au niveau $l = 1,2$ pour la réponse r . Ces poids factoriels standardisés peuvent être interprétés comme des corrélations partielles entre y_{rij}^* et chacun des facteurs. Toutefois comme le souligne Jöreskog (1999), ces poids factoriels peuvent être supérieurs à 1 (ou inférieur à -1) en présence de forte multicollinéarité entre variables.

Nous avons estimé ces modèles via la modélisation bayésienne MCMC (Markov Chain Monte Carlo) (Browne, 2009). Au regard de l'approche fréquentiste, ce type de modélisation a été montrée comme particulièrement performante (non biaisée) pour les modèles comportant des variables de réponses dichotomiques ou catégorielles (Ng, Carpenter, Goldstein, & Rasbash, 2006), les modèles à classification croisée (Browne, Goldstein, & Rasbash, 2001) ainsi que pour les cas où le nombre de classes à l'échelon supérieur est faible, puisque dans ce dernier cas les estimations IGLS/RIGLS sont systématiquement biaisées (Browne & Draper, 2006). Les estimations MCMC sont elles par contre particulièrement robustes (Austin, 2010). L'estimateur bayésien n'admet généralement pas de solution analytique. Il est nécessaire d'avoir recours à des tirages dans la loi *a posteriori*. C'est pourquoi on peut les classer, comme le proposent Cameron & Trivedi (2005), dans l'ensemble des méthodes d'estimation fondées sur des techniques de simulation (comme les méthodes « bootstrap »

ou les méthodes de simulation du maximum de vraisemblance). En conséquence on s'appuie souvent sur l'approche Monte Carlo Markov Chain.

Plusieurs méthodes d'estimation sont possibles, les plus populaires étant l'échantillonnage de Gibbs et la méthode de Metropolis-Hastings. Ces méthodes d'estimation ont des inconvénients que différentes techniques d'amélioration peuvent pallier. La technique de paramétrisation orthogonale proposée par Browne *et al.* (2009) et conseillée par ces derniers pour toutes variables dépendantes discrètes, permet de supprimer l'influence de la corrélation entre les chaînes pour les différents paramètres de la partie fixe à estimer. La modélisation MCMC fonctionnant en effet par mise à jour successive de manière séparée des différents paramètres, le fait que l'effet de chaque paramètre puisse être indépendant des autres (ce qui est l'objectif d'une paramétrisation orthogonale) contribue à une meilleure performance des algorithmes MCMC. Puisqu'on estime une distribution de paramètres, il est nécessaire de se doter d'outils permettant de savoir si on a procédé à suffisamment de tirages. Les diagnostics de Raftery-Lewis et de Brooks-Draper permettent ainsi de savoir si on a des chaînes de Markov suffisamment longues pour estimer avec précision les paramètres. L'intérêt d'utiliser de manière croisée ces diagnostics est qu'ils ne reposent pas sur les mêmes indicateurs³.

Pour reporter de manière simple un paramètre d'intérêt « synthétisant » l'ensemble de cette information sur la loi de distribution a posteriori des paramètres, plusieurs stratégies peuvent être développées. La première est qu'algébriquement une estimation bayésienne des coefficients correspond à la valeur qui minimise une fonction de coût espérée *a posteriori*. Cette fonction de coût $L(\theta, \hat{\theta})$ décrit les conséquences de faire reposer une décision sur une estimation ponctuelle $\hat{\theta}$ alors que θ est le vrai vecteur des paramètres. Elle peut être conçue de différentes manières comme une fonction quadratique (Pirotte, 2004, p. 131). L'autre solution (Koop, 2003) est de reporter le paramètre moyen de l'ensemble des estimations, la variance étant estimée à partir de la distribution de l'ensemble des estimations. Cette solution, qui permet d'exploiter la totalité des estimations, est la plus utilisée (et philosophiquement proche de la démarche bayésienne).

Comme le montre la formule de Bayes⁴, les estimations peuvent être sensibles par nature à la fonction de distribution des paramètres *a priori*. Il convient donc d'en étudier la sensibilité des résultats aux prénotions des chercheurs. On peut par exemple commencer par une distribution *a priori* non informative exprimant une absence d'*a priori* puis tester après des distributions alternatives. Toutefois comme l'établit le théorème de Bernstein-Von Mises, plus la taille de

³ Ainsi le diagnostic de Raftery-Lewis (Raftery & Lewis, 1992; 1996) a pour objectif d'estimer la longueur des chaînes de Markov nécessaire pour estimer un quantile en particulier de la distribution *a posteriori* des paramètres avec une certaine fiabilité. Par exemple pour un diagnostic calculé pour les quantiles 2,5% et 97,5%, le diagnostic de Raftery-Lewis estime la longueur du nombre d'itérations n_M de telle manière que la probabilité *a posteriori* du paramètre soit contenue dans l'intervalle central de 95% avec une probabilité d'au moins 95%. Le diagnostic de Brooks-Draper (Brooks, 1998; Browne & Draper, 2000) conduit pour sa part à rechercher une estimation de la moyenne *a posteriori* du paramètre d'intérêt avec une fiabilité à déterminer (par exemple à 95%).

⁴ Ainsi soit y les observations et θ les paramètres du modèle à estimer, on a alors :

$$p(\theta|y) = \frac{p(y|\theta)p(\theta)}{p(y)}$$

Avec : $p(\theta|y)$ la distribution des paramètres *a posteriori* ; $p(y|\theta)$ la fonction de vraisemblance ; $p(\theta)$ la distribution des paramètres *a priori* ; $p(y)$ la distribution marginale des données ou autrement dit la distribution prédite des données. Comme $p(y)$ ne dépend pas de θ , pour toute inférence à propos des paramètres du modèle à estimer, on peut donc négliger ce terme et reformuler ainsi de manière générale la formule de Bayes :

$$p(\theta|y) \propto p(y|\theta)p(\theta)$$

Autrement dit : la densité *a posteriori* est proportionnelle à la vraisemblance multipliée par la densité *a priori*.

l'échantillon est importante moins les distributions *a priori* ont d'importance (puisqu'elles sont dominées par l'information fournie par l'échantillon via la fonction de vraisemblance)⁵. Aussi quand nous travaillons sur des Eurobaromètres avec 30 000 observations, l'effet de la distribution *a priori* apparaît relativement réduite. Nous reportons ici les estimations réalisées à partir du *prior non informatif* – exprimant l'absence de connaissance sur le sujet – proposé par Browne (2009).

Enfin, de même que pour tous les modèles se pose la question du choix parmi toutes les spécifications alternatives (mettre ou non telle ou telle variable de contrôle, ajouter ou non des effets contextuels) Le *DIC* (Deviance Information Criterion) proposé par Spiegelhalter *et al.* (2002), est une généralisation des critères d'information dans le cadre des modèles multiniveaux, composé d'une partie décrivant l'ajustement aux données et d'une partie pénalisant la complexité⁶. On a ainsi $DIC(\theta_i) = \bar{D} + p_D$, avec $\bar{D}$ la valeur moyenne de la déviance⁷ (établie sur l'ensemble des itérations utilisées) et p_D le nombre de paramètres du modèle⁸. Plus $DIC(\theta_i)$ est faible, meilleur est le modèle.

Résultats

Si on veut être fidèle une approche parcimonieuse, on doit choisir le modèle qui s'adapte le mieux aux données sans multiplier de façon excessive les hypothèses (et donc les paramètres). Le DIC étant une généralisation à un contexte multiniveau du critère AIC, il permet de sélectionner le modèle qui est le meilleur compromis entre biais et variance (Burhnam & Anderson, 2004). Comme on le voit dans le tableau suivant, la comparaison des *DIC* conduit à retenir le modèle $\mathcal{M}_5$ (avec deux facteurs individuels corrélés et deux facteurs nationaux corrélés) en raison notamment de la baisse importante des paramètres par rapport à $\mathcal{M}_4$. $\mathcal{M}_5$ conduit toutefois à retenir plus de paramètres que $\mathcal{M}_3$, mais avec une bien meilleure adéquation aux données ($\bar{D}$ est nettement plus faible).

Tableau 2. Comparaison du DIC selon les différentes estimations

	$\bar{D}$	p_D	<i>DIC</i>
$\mathcal{M}_1$ (1 facteur individuel)	198877,12	13324,5	212201,62
$\mathcal{M}_2$ (1 facteur individuel et 1 facteur national)	193719,94	13497,5	207217,44
$\mathcal{M}_1$ (2 facteurs individuels non corrélés)	166037,30	23514,6	189551,90
$\mathcal{M}_3$ (2 facteurs individuels corrélés)	166469,55	22486,8	188956,35
$\mathcal{M}_4$ (2 facteurs individuels non corrélés et 2 facteurs nationaux non corrélés)	162243,55	23558,1	185801,65
$\mathcal{M}_5$ (2 facteurs individuels corrélés et 2 facteurs nationaux corrélés)	162602,4	22645,7	185248,1

Lecture : $\bar{D}$: déviance moyenne ; p_D : nombre effectif de paramètres ; *DIC* : Deviance Information Criterion.

La complexité des résultats obtenus se résume dans trois tableaux successifs. Le premier correspond à l'étude de l'importance de l'effet pays. Le deuxième correspond à l'identification des facteurs. Le troisième correspond à l'étude des différentes variables explicatives.

Le premier tableau résume l'importance de l'inclusion d'un « niveau pays ». L'inclusion de ce niveau permet de rendre compte de 3 à 8% de la variance totale suivant les types de réponse, ce qui

⁵ D'où tout un ensemble de recherche en analyse bayésienne pour déterminer le minimum de la taille de l'échantillon nécessaire afin d'être « prisonnier » au minimum des hypothèses sur les distributions *a priori*.

⁶ $DIC(\theta_i)$ est asymptotiquement équivalent au critère AIC (Akaike information criterion) en présence de priors non informatifs (Spiegelhalter, Best, Carlin, & van der Linde, 2002, p. 604).

⁷ La déviance est égale à : $D(\theta_i) = -2 \ln p(y|\theta_i) + 2 \ln f(y)$, avec $f(y)$ une fonction constante des données (disparaissant en cas de comparaison de deux modèles entre eux).

⁸ p_D s'écrit également : $p_D = \overline{D(\theta_i)} - D(\bar{\theta}_i)$. Il est donc égal la moyenne de la déviance moins la déviance de la moyenne.

est un niveau tout à fait important en présence de variables catégorielles (voir (Grilli & Rampichini, Multilevel Factor Models for Ordinal Variables, 2007)). De telles valeurs bien que modérés en termes de réponses latentes impliquent des variations importantes dans les probabilités des réponses observés pour chacun des pays (ce qui est confirmé par les poids factoriels dans le tableau suivant). La réponse au fait de savoir si la transgénèse est « non naturelle », « met mal à l'aise » et « nécessite l'existence d'un label » a une plus grande part expliquée par des variables inobservables au niveau du pays ($\sigma_{ur}^{(2)}$ est relativement important). Elles ont également une communauté totale relativement faible (voire très faible pour la demande relative au label), autrement dit elles tendant à varier de manière autonome par rapport aux autres réponses. On peut y voir alors une plus grande influence de la manière dont le débat public s'est structuré. Le fait d'y voir « une idée prometteuse » ou « à encourager » est moins expliqué par des variables inobservables nationales (puisque $\sigma_{ur}^{(2)}$ est très faible), alors que de la considérer comme non naturelle ou que cela conduise à être mal à l'aise dépend fortement de variables inobservables. En ce qui concerne la cisgénèse, la même interprétation peut être faite en ce qui concerne le fait de la considérer comme risquée ou non naturelle (fortement dépendantes de variables inobservables nationales avec ICC relativement important). Le fait d'être mal à l'aise avec cette technique est par contre fortement dépendant de variables observables individuelles ($Com_r^{(1)}$ important et ICC faible). En général, avec des Com_r plus élevés, l'attitude vis-à-vis de la cisgénèse apparaît comme étant plus homogène que celles vis-à-vis de la transgénèse.

Tableau 3. La part institutionnelle expliquée par les différents niveaux

	$Var_1(y_{rij}^*)$	$Var_2(y_{rij}^*)$	$Var(y_{rij}^*)$	ICC	$Com_r^{(1)}$	$Com_r^{(2)}$	Com_r	$\sigma_{ur}^{(2)}$
<i>Transfert gènes d'une autre espèce</i>								
Idée prometteuse	2,240	0,071	2,311	0,031	0,537	0,026	0,563	0,011
manger sain	2,393	0,120	2,513	0,048	0,554	0,039	0,593	0,023
détruit environnement	1,453	0,084	1,538	0,055	0,295	0,023	0,318	0,049
non naturel	1,499	0,132	1,631	0,081	0,306	0,008	0,314	0,118
mal à l'aise	2,192	0,184	2,375	0,077	0,502	0,030	0,531	0,113
à encourager	3,286	0,117	3,403	0,034	0,672	0,032	0,704	0,008
Label	1,173	0,094	1,267	0,074	0,137	0,004	0,140	0,090
<i>Transfert gènes d'une même espèce</i>								
Utile	1,635	0,096	1,731	0,056	0,367	0,015	0,381	0,071
Risque	2,375	0,192	2,567	0,075	0,536	0,020	0,556	0,140
détruit environnement	2,463	0,132	2,596	0,051	0,564	0,038	0,602	0,033
non naturel	2,554	0,198	2,752	0,072	0,565	0,037	0,601	0,097
mal à l'aise	4,966	0,271	5,237	0,052	0,757	0,044	0,801	0,042
à encourager	1,836	0,092	1,929	0,048	0,434	0,019	0,453	0,055
Label	1,265	0,092	1,357	0,068	0,195	0,018	0,213	0,068

Le deuxième tableau permet de mieux expliquer de quoi sont constitués ces différents facteurs.

Sur le premier facteur $\lambda_{1,r}^{(2)}$, les réponses « non naturel », « détruit l'environnement » et « mal à l'aise » sont les mieux représentées. Les réponses aux questions « utile » et « à encourager » vont en sens inverse. Ce facteur s'interprète donc comme une attitude générale de défiance vis-à-vis de cette technologie au niveau national. Le facteur $\lambda_{1,r}^{(1)}$ au niveau individuel s'interprète d'une manière similaire même si on constate ici des poids factoriels standardisés nettement plus importants. Autrement dit les déterminants individuels ont nettement plus d'influence que les déterminants nationaux pour l'attitude envers la transgénèse. Pour les facteurs $\lambda_{2,r}^{(2)}$ et $\lambda_{2,r}^{(1)}$, l'interprétation est similaire sauf sur un point. On voit qu'au niveau national et individuel, les réponses aux questions « idée prometteuse », « manger sain » et à « encourager » s'opposent aux autres. On peut comparer également les facteurs $\lambda_{1,r}^{(2)}$ et $\lambda_{2,r}^{(2)}$ pour les questions posées de manière identique pour les deux types de transferts de gènes (en l'occurrence : détruit l'environnement, non naturel, mal à l'aise, à

encourager et label GM). A l'exception des questions relatives au fait que les transferts de gènes mettent mal à l'aise, on constate que les poids factoriels standardisés sont plus importants pour $\lambda_{1,r}^{(2)}$ que pour $\lambda_{2,r}^{(2)}$. Autrement dit l'appartenance à un pays en particulier a plus d'influence sur l'attitude envers la cisgénèse qu'envers la transgénèse.

Tableau 4. Estimation des poids factoriels

	$\lambda_{1,r}^{(2)}$			$\lambda_{2,r}^{(2)}$			$\lambda_{1,r}^{(1)}$			$\lambda_{2,r}^{(1)}$		
	P.f.	e.s.	std.	p.f.	e.s.	std.	p.f.	e.s.	Standard	p.f.	e.s.	std.
<i>Transfert gènes d'une autre espèce</i>												
Idée prometteuse	0	0	0	-0,376	0,068	-0,247	0	0	0	-1,510	0,040	-0,993
manger sain	0	0	0	-0,477	0,087	-0,301	0	0	0	-1,600	0,043	-1,009
détruit environnement	0	0	0	0,288	0,070	0,232	0	0	0	0,913	0,020	0,736
non naturel	0	0	0	0,179	0,085	0,140	0	0	0	0,958	0,023	0,750
mal à l'aise	0	0	0	0,408	0,102	0,265	0	0	0	1,480	0,036	0,960
à encourager	0	0	0	-0,507	0,088	-0,275	0	0	0	-2,050	0,067	-1,111
label GM	0	0	0	0,104	0,076	0,092	0	0	0	0,564	0,018	0,501
<i>Transfert gènes d'une même espèce</i>												
Utile	-0,244	0,075	-0,185	0	0	0	-1,080	0,023	-0,821	0	0	0
Risque	0,349	0,104	0,218	0	0	0	1,590	0,034	0,992	0	0	0
détruit environnement	0,484	0,093	0,300	0	0	0	1,640	0,037	1,018	0	0	0
non naturel	0,487	0,103	0,294	0	0	0	1,690	0,038	1,019	0	0	0
mal à l'aise	0,733	0,128	0,320	0	0	0	2,700	0,084	1,180	0	0	0
à encourager	-0,297	0,070	-0,214	0	0	0	-1,240	0,026	-0,893	0	0	0
label GM	0,237	0,071	0,203	0	0	0	0,698	0,018	0,599	0	0	0

Lecture : p.f. : poids factoriel ; e.s. : erreur standard ; std. : poids factoriel standardisé.

On a également pu estimer $\sigma_{n12}^{(2)} = 0,426$ (erreur standard = 0,193) et $\sigma_{n12}^{(1)} = 0,544$ (erreur standard = 0,008). Autrement dit, les deux facteurs sont fortement corrélés au niveau national et au niveau individuel (et légèrement plus fortement au niveau individuel).

Enfin le troisième tableau (renvoyé en annexe pour plus de visibilité) permet de comprendre l'influence des différentes variables explicatives sur la réponse aux différentes questions de rapport aux pommes transgéniques et cisgéniques. Comme il s'agit de réponses « probit », on peut calculer l'effet marginal de manière relativement simple. Ces effets marginaux correspondent à des changements discrets des variables dichotomiques considérées selon la méthode de Anderson & Newell (2003). On met ainsi en évidence des forts effets de l'âge en ce qui concerne les attitudes vis-à-vis des pommes transgéniques alors que l'âge semble avoir moins d'influence sur les attitudes vis-à-vis des pommes cisgéniques. Autrement dit on est pour les pommes transgéniques dans une configuration proche de ce que nous avons souligné précédemment à propos des aliments GM. Le fait d'avoir une pratique religieuse augmente la probabilité de réponse que les pommes transgéniques détruisent l'environnement (+1,7%), sont « non naturelles » (+1,7%) et mettent mal à l'aise (+8,6%). Ceci conduit également à augmenter la probabilité de répondre que les pommes cisgéniques sont risquées (+4,4%), détruisent l'environnement (+3,8%) et mettent mal à l'aise (+8,6%). En outre ce type de pratique diminue la probabilité de considérer ce type de pomme comme utile (-0,9%) et à encourager (-0,7%). Enfin par rapport à nos hypothèses de recherche H2 et H3, on peut souligner que le fait d'exprimer un intérêt pour l'environnement a des effets contrastés sur les acceptabilités respectives des pommes cisgéniques (+9,4% comme utile, +6,7% comme non naturel, +3,9% à encourager, +4% à labelliser) et des pommes transgéniques (+7% détruit l'environnement, +12,1% non naturel, +16,9% mal à l'aise, +12,1% à labelliser). Par contre en ce qui concerne les intérêts exprimés pour la science ou la biotechnologie, les effets sont plus similaires entre les deux

technologies conduisant à une plus grande acceptabilité, avec toutefois à chaque fois un effet positif sur la demande de labellisation spécifique de ces pommes.

Conclusion

De manière générale, on a pu mettre en évidence une attitude générale par rapport aux pommes génétiquement modifiées. En effet les deux facteurs exprimant une défiance vis-à-vis des pommes transgéniques et cisgéniques sont fortement corrélés au plan individuel et au niveau du pays. En général, avec des Com_r plus élevés, l'attitude vis-à-vis de la cisgénèse apparaît comme étant plus homogène que celles vis-à-vis de la transgénèse. Pour cette dernière il semble donc qu'on retrouve également le même type d'hétérogénéité (pluralité d'attitudes, de mode de justification, de types d'opposition) qui a pu être caractérisée des précédentes publications (Chaklatti & Rousselière, 2006; Gaskell, et al., 2004). En cohérence avec d'autres études portant sur les consommateurs européens, on peut souligner une opposition en ce qui concerne l'ensemble des techniques du génie génétique même si notre étude permet de nuancer certains éléments. On constate en effet des impacts contrastés de l'intérêt pour l'environnement. Tout se passe comme si les pommes cisgéniques s'inscrivaient dans le cadre d'un nouveau dilemme « utilité »/ « risque » (tel que mis en évidence précédemment par Gaskell et al. (2004). Le risque peut être mis « en balance » par les consommateurs avec les bénéfices attendus de la technologie mais cette liaison est plurielle. Comme le soulignent Gaskell et al. (2004: 191) elle diffère selon les ressources sociales et cognitives dont ils disposent et qui peuvent influencer leur perception des biotechnologies⁹.

Plusieurs enjeux peuvent être soulignés. Le premier est relatif aux politiques publiques relatives aux biotechnologies. L'étude confirme la présence de différences nettes dans les domaines d'application des biotechnologies. Les différentes études menées sur l'acceptabilité sociale des biotechnologies soulignent toutes que l'absence d'utilité perçue est un des déterminants principaux de l'opposition aux biotechnologies quel que soit le domaine d'application (*e.g.* (Auer, 2008; Einsiedel & Medlock, 2005; Gaskell G. , et al., 2011; Knight, 2006; Pardo, et al., 2009)). A titre d'exemple l'article de Pardo *et al.* (2009) souligne une acceptation plus forte de l'utilisation des plantes génétiquement modifiées pour obtenir des médicaments ou traitements pour lutter contre des maladies mortelles (accord moyen de 6,8 sur 10), contre des maladies infantiles (6,4), pour lutter contre les effets de l'âge (4,2) ou pour obtenir des produits cosmétiques (3,4). Aussi le développement des biotechnologies en horticulture ornementale, autrement dit l'utilisation des biotechnologies dans un contexte explicite de loisirs, est-il fortement controversé (Auer, 2008; Klingeman & Hall, 2006; Alston, Bradford, & Kalaitzandonakes, 2006).

Le second est relatif aux différences observées entre les différents pays européens. Il s'agit également de prendre en compte des débats propres à chaque pays européens et à la manière dont les acteurs nationaux les ont structurés. On a pu mettre en évidence une plus grande variabilité de l'attitude vis-à-vis de la cisgénèse entre les pays européens (effets plus élevés du facteur national). Il est intéressant de noter que cela est également le résultat de Lusk & Rozan (2008) lorsqu'ils comparent Etats-Unis et France. Ainsi suivant les transferts intra-espèces ou intra-genres sont majoritairement acceptés par les consommateurs américains (entre 52,7% pour le transfert de nombreux gènes de différents végétaux à 77,3% pour le transfert d'un gène provenant du même végétal) alors qu'ils sont majoritairement refusés par les consommateurs français (respectivement de

⁹ Aussi quatre attitudes peuvent être mises en évidence : une attitude de « scepticisme » qui correspond à la majorité de la population (environ 60%) selon laquelle les aliments GM n'ont pas d'utilité et sont risqués ; une attitude de « désintéressement » (moins de 10 %) selon laquelle ils sont ni utiles ni risqués ; une attitude de « détente » (environ 15%) selon laquelle ils sont utiles et non risqués et une attitude de « dilemme » (environ 20%) selon laquelle ils sont utiles mais risqués.

17,5% à 37,5% de soutien). Les autres types de transferts de gènes vers des végétaux étant majoritairement rejetés par les consommateurs des deux pays.

Cette étude confirme l'impossibilité d'un passage « en force » tel que celui proposé par Jacobsen & Schouten (2009) qui serait celui de ne pas appliquer la réglementation relative aux OGM aux organismes issus de la cisgénèse. Si ces derniers sont susceptibles d'être l'objet d'une plus grande acceptabilité de la part des consommateurs européens, il n'en demeure pas moins une grande défiance, au-delà de la question du franchissement de la « barrière entre espèces » ou de l'argument environnemental. On trouve ainsi des éléments en accord avec la position de la commission européenne qui classe ce type de technique comme particulièrement proche des techniques transgéniques plus classiques (Lusser, Parisi, Plan, & Rodriguez-Cerezo, 2012). Dans tous les cas, il est demandé une labellisation de ce type de produit s'il venait à se développer et être autorisé à la commercialisation. Comme pour toutes espèces sujettes à la dispersion du pollen et aux tendances associées d'hybridation, se pose alors la question de la coexistence entre les différentes techniques (Skevas, Fevereiro, & Wesseler, 2010; Demont, Daems, Dillen, Mathijs, Sausse, & Tollens, 2008).

Bibliographie

- Alston, J., Bradford, K., & Kalaitzandonakes, N. (2006). The Economics of Horticultural Biotechnology. *Journal of Crop Improvement*, 18(1), 413-431.
- Anderson, S., & Newell, R. G. (2003). Simplified marginal effects in discrete choice models. *Economics Letters*, 81(3), 321-326.
- Auer, C. (2008). Ecological Risk Assessment and Regulation for Genetically-Modified Ornamental Plants. *Critical Reviews in Plant Sciences*, 27, 255-271.
- Austin, P. (2010). Estimating Multilevel Logistic Regression Models When the Number of Clusters is Low: A Comparison of Different Statistical Software Procedures. *The International Journal of Biostatistics*, 6(1), Article 16.
- Bhatti, S., & Jha, G. (2010). Current trends and future prospects of biotechnological interventions through tissue culture in apple. *Plant Cell Reports*, 29, 1215-1225.
- Bonny, S. (2008). How have opinions about GMOs changed over time? The situation in the European Union and the USA. *CAB Reviews: Perspectives in Agriculture, Veterinary Science, Nutrition and Natural resources*(93), 1-17.
- Browne, W. J. (2009). *MCMC estimation in MLwiN. version 2.13*. Center for Multilevel Modelling. Bristol: University of Bristol.
- Browne, W. J., & Draper, D. (2006). A comparison of Bayesian and likelihood-based methods for fitting multilevel models. *Bayesian Analysis*, 1(3), 473-514.
- Browne, W. J., Goldstein, H., & Rasbash, J. (2001). "Multiple membership multiple classification (MMMC) models. *Statistical Modelling*, 1(2), 103-124.
- Browne, W. J., Steele, F., Golaszadeth, M., & Green, M. (2009). The use of simple reparameterizations to improve the efficiency of Markov chain Monte Carlo estimation for multilevel models with applications to discrete time survival models. *Journal of the Royal Statistical Society A*, 172(3), 579-598.
- Burnham, K., & Anderson, D. (2004). Multimodel Inference. Understanding AIC and BIC in Model Selection. *Sociological Methods & Research*, 33(2), 262-304.
- Cameron, A. C., & Trivedi, P. K. (2005). *Microeconometrics. Methods and Applications*. Cambridge: Cambridge University Press.
- Chaklatti, S., & Rousselière, D. (2006). Confiance, Justification et Controverse sur les OGM en Europe. *Cahiers d'Économie et Sociologie Rurales*(81), 61-93.

- Chevreau, E., Dupuis, F., Taglioni, J., Sourice, S., Cournol, R., Deswartes, C., et al. (2011). Effect of ectopic expression of the eutypine detoxifying gene Vr-ERE in transgenic apple plants. *Plan Cell, Tissue and Organ Culture*, 106, 161-168.
- Colson, G., & Huffman, W. E. (2011). Consumers' willingness to pay for genetically modified foods with product-enhancing nutritional attributes. *American Journal of Agricultural Economics*, 93(2), 358-363.
- Dannenberg, A. (2009). The dispersion and development of consumer preferences for genetically modified food – A meta-analysis. *Ecological Economics*, 68, 2182-2192.
- Demont, M., Daems, W., Dillen, K., Mathijs, E., Sausse, C., & Tollens, E. (2008). Regulating coexistence in Europe: Beware of the domino-effect. *Ecological Economics*, 64, 683-689.
- Einsiedel, E., & Medlock, J. (2005). A Public Consultation on Plant Molecular Farming. *AgBioForum*, 8(1), 26-32.
- Gambino, G., & Gribaudo, I. (2012). Genetic transformation of fruit trees: current status and remaining challenges. *Transgenic Research*, forthcoming.
- Gaskell, G., Allansdottir, A., Allum, N., Castro, P., Esmer, Y., Fischler, C., et al. (2010). *Europeans and biotechnology in 2010, Winds of Change?* (L. S. Economics, Éd.) Report of the European Commission.
- Gaskell, G., Allansdottir, A., Allum, N., Castro, P., Esmer, Y., Fischler, C., et al. (2011). The 2010 Eurobarometer on the life sciences. *Nature Biotechnology*, 29, 113-114.
- Gaskell, G., Allum, N., Wagner, W., Kronberger, N., Torgersen, H., Hampel, J., et al. (2004). GM foods and the misperception of risk perception. *Risk Analysis*, 24(1), 185-194.
- Goldstein, H. (2003). *Multilevel Statistical Models, 3rd edition*. London: Edward Arnold.
- Goldstein, H., & Browne, W. (2002). Multilevel Factor Analysis Modelling Using Markov Chain Monte Carlo Estimation. Dans G. Marcoulides, & I. Moustaki, *Latent Variable and Latent Structure Models* (pp. 225-244). Lawrence Erlbaum.
- Goldstein, H., & Browne, W. (2005). Multilevel Factor Analysis Models for Continuous and Discrete Data. Dans A. Maydeu-Olivares, & J. McArdle, *Contemporary Psychometrics* (pp. 453-475). Lawrence Erlbaum.
- Goldstein, H., & Kounali, D. (2009). Multilevel multivariate modelling of childhood growth, numbers of growth measurements and adult characteristics. *Journal of the Royal Statistical Society, Serie A*, 172(3), 599-613.
- Goldstein, H., Bonnet, G., & Rocher, T. (2007). Multilevel Structural Equation Models for the Analysis of Comparative Data on Educational Performance. *Journal of Educational and Behavioral Statistics*, 32(3), 252-286.
- Grilli, L., & Rampichini, C. (2007). Multilevel Factor Models for Ordinal Variables. *Structural Equation Modeling: A Multidisciplinary Journal*, 14(1), 1-25.
- Jacobsen, E., & Schouten, H. (2009). Cisgenesis: an important sub-invention for traditional plant breeding companies. *Euphytica*, 170, 235-247.
- Jochemsen, H. (2008). An ethical assessment of cisgenesis in breeding late blight resistant potato. *Potato Research*, 51, 59-73.
- Joly, P.-B., & Marris, C. (2003). Les Américains ont-ils accepté les OGM? Analyse comparée de la construction des OGM comme problème public en France et aux États-Unis. *Cahiers d'Économie et Sociologie Rurales*(68-69), 12-45.
- Jöreskog, K. G. (1999). *How Large can a standardized coefficient be?* Consulté le septembre 19, 2011, sur www.ssicentral.com/lisrel/techdocs/HowLargeCanaStandardizedCoefficientbe.pdf
- Klingeman, W., & Hall, C. (2006). Risk, Trust and Consumer Acceptance of Plant Biotechnology. *Journal of Crop Improvement*, 18(1), 451-486.

- Knight, A. J. (2006). Does application matter? An examination of public perception of agricultural biotechnology applications. *AgBioForum*, 9(2), 121-128.
- Koop, G. (2003). *Bayesian Econometrics*. Chichester: Wiley.
- Kuzma, J., & Kokotovich, A. (2011). Renegotiating GM Crop Regulation. *EMBO Reports*, 12(9), 883-888.
- Lusk, J. L., & Rozan, A. (2006). Consumer acceptance of ingenic foods. *Biotechnology Journal*, 1, 1433-1434.
- Lusk, J. L., & Rozan, A. (2008). Public policy and endogenous beliefs: The case of genetically modified food. *Journal of Agricultural and Resource Economics*, 33(2), 270-289.
- Lusk, J. L., Jamal, M., Kurlander, L., Roucan, M., & Taulman, L. (2005). A Meta-Analysis of Genetically Modified Food Valuation Studies. *Journal of Agricultural and Resource Economics*, 30(1), 28-44.
- Lusser, M., Parisi, C., Plan, D., & Rodriguez-Cerezo, E. (2012). Deployment of new biotechnologies in plant breeding. *Nature Biotechnology*, 30(3), 231-239.
- Mielby, H., Sandoe, P., & Lassen, J. (2012). The role of scientific knowledge in shaping attitudes to GM technologies. *Public Understanding of Science*, (forthcoming).
- Molesini, B., Pii, Y., & Pandolfini, T. (2012). Fruit improvement using intragenesis and artificial microRNA. *Trends in Biotechnology*, 30(2), 80-88.
- Nayga, R. M., Gillet Fisher, M., & Onyango, B. (2006). Acceptance of genetically modified food : Comparing consumer perspectives in the United States and South Korea. *Agricultural Economics*, 34, 331-341.
- Ng, E. S., Carpenter, J. R., Goldstein, H., & Rasbash, J. (2006). Estimation in generalised linear mixed models with binary outcomes by simulated maximum likelihood. *Statistical Modelling*, 6(1), 23-42.
- Pardo, R., Engelhard, M., Hagen, K., Jorgensen, R., Rehbinder, E., Schnieke, A., et al. (2009). The role of means and goals in technology acceptance. *EMBO Reports*, 10, 1069-1075.
- Pirotte, A. (2004). *L'économétrie. Des origines aux développements récents*. Paris: CNRS Editions.
- Rozan, A., Lusk, J. L., & Campardon, M. (2007). Acceptabilité des consommateurs face à un OGM de seconde génération: le riz doré. *Revue d'économie politique*, 117(5), 843-852.
- Russel, A. W., & Sparrow, R. (2008). The case for regulating intragenic GMOs. *Journal of Agricultural and Environmental Ethics*, 21, 153-181.
- Schenk, M., van der Maas, M., Smulders, M. J., Gilissen, L. J., Fischer, A. R., Lans, v. d., et al. (2011). Consumer attitudes towards hypoallergenic apples that alleviate mild apple allergy. *Food Quality and Preference*, 22, 83-91.
- Schouten, H., Krens, F., & Jacobsen, E. (2006a). Do cisgenic plants warrant less stringent oversight? *Nature Biotechnology*, 24(7), 753.
- Schouten, H., Krens, F., & Jacobsen, E. (2006b). 'Cisgenic' as a product designation. *Nature Biotechnology*, 24(11), 1331-1333.
- Schubert, D., & Williams, D. (2006). 'Cisgenic' as a product designation. Letter to the Editor. *Nature Biotechnology*, 24(11), 1327-1329.
- Skevas, T., Fevereiro, P., & Wesseler, J. (2010). Coexistence regulations and agriculture production: A case study of five Bt maize producers in Portugal. *Ecological Economics*, 69, 2402-2408.
- Spiegelhalter, D. J., Best, N. G., Carlin, B. P., & van der Linde, A. (2002). Bayesian measures of model complexity and fit. *Journal of the Royal Statistical Society, series B.*, 64(4), 583-639.
- Steele, F., & Goldstein, H. (2006). A multilevel Factor Model for Mixed Binary and Ordinal Indicators of Women's Status. *Sociological Methods & Research*, 35(1), 137-153.

- Sturgis, P., Cooper, H., & Fife-schaw, C. (2005). Attitudes to biotechnology: Estimating the opinions of a better-informed public,. *New Genetics and Society*, 24(1), 31-56.
- Vanblaere, T., Szankowski, I., Schaart, J., Schouten, H., Flachowsky, H., Broggini, G. A., et al. (2011). The development of cisgenic apple plant. *Journal of Biotechnology*, 154, 304-311.
- Velasco, R., & al., e. (2010). The genome of the domesticated apple (*Malus x domestica* Borkh.). *Nature Genetics*, 42(10), 833-841.

Annexe 1. Statistiques descriptives

Variables	Signification	Min	Max	Moyenne	Ecart-type
AGE15-24ans	Age : de 15 à 24 ans	0	1	0,126	0,332
AGE25-34ans	Age de 25 à 34 ans	0	1	0,159	0,366
AGE35-44ans	Age de 35 à 44 ans	0	1	0,174	0,379
AGE45-54ans	Age de 45 à 54 ans	0	1	0,169	0,374
AGE55-64ans	Age de 55 à 64 ans	0	1	0,164	0,370
AGE65anset+	Age : 65 ans et plus	0	1	0,209	0,407
Femme	Sexe : Femme	0	1	0,532	0,499
Gauche	Echelle politique : gauche	0	1	0,246	0,431
Centre	Echelle politique : centre	0	1	0,312	0,463
Droite	Echelle politique : droite	0	1	0,220	0,414
Refus_sansopinion	Echelle politique : refus de répondre ou sans opinion	0	1	0,132	0,339
Couple	Vie en couple	0	1	0,629	0,483
Taillefamille1	Famille d'une personne	0	1	0,207	0,404
Taillefamille2	Famille de deux personnes	0	1	0,330	0,470
Taillefamille3	Famille de trois personnes	0	1	0,188	0,390
Taillefamille4et+	Famille de quatre personnes et plus	0	1	0,277	0,447
Education15-	Age de fin d'études : 15 ans ou moins	0	1	0,180	0,384
education16_19ans	Age de fin d'études : 16 à 19 ans	0	1	0,405	0,491
education 20+	Age de fin d'études : 20 ans et plus	0	1	0,301	0,459
Etudiant	Age de fin d'études : toujours étudiant	0	1	0,090	0,286
Scienzenaturelle	A étudié les sciences naturelles	0	1	0,438	0,496
Indépendant	Activité : indépendant	0	1	0,073	0,260
Cadre	Activité : cadre	0	1	0,106	0,308
Employé	Activité : employé	0	1	0,109	0,311
Ouvrier	Activité : ouvrier	0	1	0,192	0,394
Personnefoyer	Activité : personne au foyer	0	1	0,081	0,273
Chomeur	Activité : chômeur	0	1	0,078	0,268
Retraite	Activité : retraité	0	1	0,271	0,444
Rural	Vie en zone rurale ou village	0	1	0,353	0,478
Ville	Vie en petite ou moyenne ville	0	1	0,364	0,481
Grandeville	Vie en grande ville	0	1	0,281	0,449
Sansreli	Sans religion	0	1	0,253	0,435
Relinonpratiquant	Religieux non pratiquant	0	1	0,419	0,493
Relipratiquant	Religieux pratiquant	0	1	0,328	0,469
Interenvironnement	Intérêt exprimé pour l'environnement	0	1	0,877	0,328
Interetscience	Intérêt exprimé pour la science	0	1	0,774	0,419
Interetbiotech	Intérêt exprimé pour les biotechnologies	0	1	0,734	0,442

Annexe 2. Impact des différentes variables explicatives sur les variables de réponse

	<i>Transfert gènes d'une autre espèce</i>							<i>Transfert gènes d'une même espèce</i>						
	ideprom	mangsain	detenvir	nonnat	malalaise	encour	Label	utile	risque	detenvir	nonnat	malalaise	encour	label
cons sig	-0,722 ***	-1,42 ***	-0,644 ***	0,148	-0,549 ***	-1,76 ***	0,342 ***	-0,488 ***	-0,398 **	-0,932 ***	0,178	-0,853 ***	-1,12 ***	0,496 ***
age25 sig	-0,178 **	-0,0844	-0,0813	0,0649	0,0989	-0,258 **	0,0857	-0,0974	-0,0821	-0,0254	-0,0405	0,167	0,005	0,0253
e.m.	-0,051	-0,012	-0,026	0,025	0,035	-0,017	0,032	-0,034	-0,030	-0,006	-0,016	0,050	0,001	0,009
age35 sig	-0,278 ***	-0,268 ***	0,0003	0,149 **	0,258 ***	-0,34 ***	0,0545	-0,0644	-0,173 *	-0,0266	-0,166 *	0,198	0,058	-0,0211
e.m.	-0,076	-0,032	0,000	0,058	0,094	-0,021	0,020	-0,022	-0,061	-0,007	-0,066	0,059	0,013	-0,007
age45 sig	-0,43 ***	-0,302 ***	-0,0325	0,176 **	0,405 ***	-0,513 ***	0,0786	-0,0974	-0,149	-0,142	-0,244 **	0,155	0,035	-0,0716
e.m.	-0,110	-0,035	-0,010	0,068	0,151	-0,028	0,029	-0,034	-0,053	-0,034	-0,097	0,046	0,008	-0,026
age55 sig	-0,404 ***	-0,305 ***	-0,017	0,105	0,338 ***	-0,612 ***	0,0469	-0,108	-0,283 ***	-0,142	-0,267 ***	0,168	0,025	-0,0513
e.m.	-0,105	-0,036	-0,005	0,041	0,125	-0,030	0,018	-0,037	-0,097	-0,034	-0,106	0,050	0,005	-0,018
age65 sig	-0,408 ***	-0,35 ***	-0,068	0,0846	0,367 ***	-0,581 ***	-0,0535	-0,105	-0,211 *	-0,0754	-0,248 **	0,274	0,014	-0,167 **
e.m.	-0,106	-0,039	-0,022	0,033	0,136	-0,030	-0,020	-0,036	-0,074	-0,019	-0,099	0,084	0,003	-0,061
femme sig	-0,359 ***	-0,381 ***	0,147 ***	0,148 ***	0,35 ***	-0,452 ***	0,104 ***	-0,155 ***	0,0711 *	0,062	0,111 ***	0,268 ***	-0,155 ***	0,00414
e.m.	-0,095	-0,042	0,050	0,058	0,130	-0,026	0,038	-0,053	0,027	0,016	0,043	0,082	-0,030	0,001
gauche sig.	0,206 ***	0,195 ***	0,119 ***	0,141 ***	0,155 ***	0,186 **	0,0459	0,231 ***	0,11 **	0,128 **	0,0261	0,0882	0,247 ***	-0,0237
e.m.	0,068	0,032	0,040	0,055	0,055	0,019	0,017	0,086	0,041	0,035	0,010	0,025	0,060	-0,008
centre sig.	0,275 ***	0,24 ***	0,0477	0,0638	-0,000	0,196 ***	0,0864 **	0,236 ***	0,09	0,0669	0,00716	-0,0212	0,233 ***	0,0578
e.m.	0,092	0,041	0,016	0,025	0,000	0,020	0,032	0,088	0,034	0,018	0,003	-0,006	0,056	0,020
droite sig.	0,4 ***	0,434 ***	-0,0158	0,00988	-0,139 **	0,454 ***	0,0386	0,283 ***	0,028	-0,065	-0,0301	-0,192 **	0,34 ***	-0,0464
e.m.	0,139	0,084	-0,005	0,004	-0,046	0,057	0,014	0,106	0,010	-0,016	-0,012	-0,049	0,086	-0,017
taille1 sig.	0,0548	0,0579	0,0235	0,0348	0,00905	0,00656	0,0558	0,144 ***	0,0393	-0,0749	-0,0574	-0,0567	0,0651	0,00414
e.m.	0,017	0,009	0,008	0,014	0,003	0,001	0,021	0,053	0,015	-0,019	-0,023	-0,015	0,014	0,001
taille2 sig.	-0,0429	0,00932	-0,025	0,085 *	0,0735	-0,085	0,128 ***	0,0705	0,0144	-0,152 **	0,0155	-0,0522	0,0103	0,0653
e.m.	-0,013	0,001	-0,008	0,033	0,026	-0,007	0,047	0,025	0,005	-0,036	0,006	-0,014	0,002	0,023
taille3 sig.	0,0666	-0,0219	0,00176	0,0686	0,0235	-0,00509	0,0856 *	0,0802	-0,0125	-0,0939	0,0224	-0,0158	0,0252	0,0192
e.m.	0,021	-0,003	0,001	0,027	0,008	0,000	0,032	0,029	-0,005	-0,023	0,009	-0,004	0,005	0,007
edu16 sig.	0,0114	-0,0272	0,0398	0,0889 **	0,0881	0,00809	0,0755 *	0,0713	-0,122 **	-0,118 *	-0,0311	0,0463	0,0748	0,0204
e.m.	0,004	-0,004	0,013	0,035	0,031	0,001	0,028	0,026	-0,044	-0,029	-0,012	0,013	0,017	0,007
edu20	0,144	0,0501	0,0237	0,0053	-0,0354	0,0101	0,153	0,158	-0,255	-0,156	-0,0851	-0,137	0,049	0,0484

	<i>Transfert gènes d'une autre espèce</i>							<i>Transfert gènes d'une même espèce</i>						
	ideprom	mangsain	detenvir	nonnat	malalaise	encour	Label	utile	risque	detenvir	nonnat	malalaise	encour	label
sig.	**						***	***	***	**				
e.m.	0,046	0,008	0,008	0,002	-0,012	0,001	0,056	0,058	-0,088	-0,037	-0,034	-0,036	0,011	0,017
edutjrs	0,254	0,128	-0,0478	0,082	-0,228	0,0961	0,0807	0,328	-0,249	-0,155	-0,183	-0,474	0,219	-0,0941
sig.	**				*			***	*			***	**	
e.m.	0,085	0,020	-0,015	0,032	-0,073	0,009	0,030	0,124	-0,086	-0,037	-0,073	-0,105	0,052	-0,034
sciencenat	0,196	0,115	-0,00708	-0,0204	-0,136	0,197	0,0591	0,223	-0,102	-0,0785	-0,114	-0,37	0,227	-0,0262
sig.	***	**			***	***	*	***	**	*	**	***	***	
e.m.	0,064	0,018	-0,002	-0,008	-0,045	0,020	0,022	0,083	-0,037	-0,020	-0,045	-0,086	0,055	-0,009
cadre	0,0252	0,0529	-0,0309	-0,0546	-0,112	-0,0838	0,0603	0,102	-0,0644	-0,0935	-0,0301	-0,245	-0,0279	-0,0105
sig.												*		
e.m.	0,008	0,008	-0,010	-0,022	-0,037	-0,007	0,022	0,037	-0,023	-0,023	-0,012	-0,061	-0,006	-0,004
employe	0,0232	0,00244	-0,109	-0,0123	-0,0665	0,000185	0,0277	0,199	-0,0147	-0,104	-0,125	-0,321	0,0804	-0,019
sig.								**				**		
e.m.	0,007	0,000	-0,034	-0,005	-0,022	0,000	0,010	0,074	-0,005	-0,026	-0,050	-0,077	0,018	-0,007
ouvrier	0,00765	0,013	0,0168	0,0367	0,0074	0,0129	0,0022	0,113	0,0371	-0,0266	-0,0991	-0,204	0,0903	-0,0942
sig.														
e.m.	0,002	0,002	0,005	0,014	0,003	0,001	0,001	0,041	0,014	-0,007	-0,039	-0,052	0,020	-0,034
persofoyer	-0,154	-0,00841	-0,0857	-0,118	-0,173	-0,169	-0,0251	-0,0168	-0,156	-0,0601	-0,0253	0,043	-0,167	-0,0661
sig.					*								*	
e.m.	-0,045	-0,001	-0,027	-0,047	-0,056	-0,012	-0,009	-0,006	-0,056	-0,015	-0,010	0,012	-0,032	-0,024
chomeur	-0,101	-0,0402	-0,0535	-0,0492	-0,0139	-0,0203	0,0483	0,0585	-0,0734	-0,139	-0,154	-0,229	0,00906	-0,0593
sig.														
e.m.	-0,030	-0,006	-0,017	-0,019	-0,005	-0,002	0,018	0,021	-0,027	-0,034	-0,061	-0,057	0,002	-0,021
retraite	-0,0619	-0,0587	-0,0114	0,00849	0,0152	0,0561	0,0758	0,0358	-0,0643	-0,112	0,0589	-0,088	0,0322	-0,00616
sig.														
e.m.	-0,019	-0,008	-0,004	0,003	0,005	0,005	0,028	0,013	-0,023	-0,027	0,023	-0,023	0,007	-0,002
ville	0,0424	0,0728	-0,0282	-0,0319	-0,0481	0,0912	-0,0365	0,00367	-0,0611	-0,0703	-0,0583	-0,133	0,0508	-0,0318
sig.												*		
e.m.	0,013	0,011	-0,009	-0,013	-0,016	0,008	-0,014	0,001	-0,022	-0,018	-0,023	-0,035	0,011	-0,011
grandeville	-0,0365	0,00575	-0,0485	-0,0667	-0,0678	0,021	-0,0707	-0,0568	0,0182	0,00589	-0,0435	0,00801	-0,0496	-0,00946
sig.				*			*							
e.m.	-0,011	0,001	-0,015	-0,026	-0,023	0,002	-0,027	-0,020	0,007	0,002	-0,017	0,002	-0,010	-0,003
reliprat	-0,0715	-0,0161	0,127	0,0735	0,34	-0,0946	0,00129	-0,0852	0,199	0,170	0,064	0,389	-0,154	0,049
sig.			***	*	***			*	***	***		***	***	
e.m.	-0,021	-0,002	0,043	0,029	0,126	-0,007	0,000	-0,030	0,076	0,047	0,025	0,124	-0,030	0,017
relinonprat	0,0208	0,0584	0,0512	0,043	0,236	0,0506	-0,0165	0,0242	0,118	0,139	0,103	0,278	-0,0339	0,00299
sig.					***				**	***	**	***		
e.m.	0,006	0,009	0,017	0,017	0,086	0,004	-0,006	0,009	0,044	0,038	0,040	0,086	-0,007	0,001
interenvir	0,00575	-0,0864	0,203	0,32	0,450	-0,0391	0,347	0,251	0,0203	0,0136	0,175	0,130	0,166	0,118
sig.			***	***	***		***	***			***		***	***
e.m.	0,002	-0,012	0,070	0,121	0,169	-0,003	0,121	0,094	0,008	0,004	0,067	0,038	0,039	0,040
intscience	0,266	0,302	-0,0144	-0,0238	-0,109	0,419	0,102	0,177	0,0084	0,00553	-0,0503	-0,153	0,266	0,113
sig.	***	***			**	***	***	***				*	***	***

	<i>Transfert gènes d'une autre espèce</i>							<i>Transfert gènes d'une même espèce</i>						
	ideprom	mangsain	detenvir	nonnat	malalaise	encour	Label	utile	risque	detenvir	nonnat	malalaise	encour	label
e.m.	0,089	0,054	-0,005	-0,009	-0,036	0,051	0,038	0,065	0,003	0,001	-0,020	-0,040	0,065	0,039
intbiotech	0,381	0,369	0,271	0,186	0,263	0,507	0,22	0,515	0,00301	0,0408	-0,0277	0,00258	0,561	0,0586
sig.	***	***	***	***	***	***	***	***					***	*
e.m.	0,131	0,069	0,095	0,072	0,096	0,066	0,079	0,198	0,001	0,011	-0,011	0,001	0,157	0,020

Lecture : * $p\text{-value} < 0,1$; ** $p\text{-value} < 0,05$; *** $p\text{-value} < 0,01$. e.m. : effets marginaux. Sig. : significativité.