

Amélioration génétique des bananiers pour la résistance aux maladies et ravageurs : contraintes liées à la plante

A. CHARRIER*

Ce document est tiré d'une synthèse effectuée par CHARRIER (1993), dans le cadre du Symposium international sur l'amélioration génétique des bananiers pour la résistance aux maladies et ravageurs, tenu au CIRAD, à Montpellier, du 7 au 9 septembre 1992. Il permet de faire le point sur les structures génétiques des bananiers, tant au niveau de l'organisation du complexe d'espèces que des structures génomiques fines (cartographie du génome, cytogénétique, etc.).

Approche biométrique

A partir d'une approche biométrique PERRIER (1993) a posé clairement le défi proposé aux généticiens des bananiers pour atteindre une meilleure connaissance de ce groupe d'espèces.

Il semble en effet que la reproduction sexuée intra et interspécifique, les possibilités de multiplication végétative et la polyploidie aient généré des structures complexes caractérisées en particulier par une diversité structurelle et allélique importante. La reconstitution d'arbres phylogénétiques étant perturbée par la disparition de nombreux génotypes intermédiaires, seule une démarche intégrant l'analyse de différents indicateurs de la diversité génétique (caractères morphologiques, marqueurs biochimiques et moléculaires, etc.) paraît susceptible de conduire à des conclusions robustes.

Les données ainsi recueillies pourront être traitées par des analyses de données classiques (ACP ou AFC) qui apporteront une bonne vision des diversités intraspécifiques et des affinités interspécifiques, et permettront d'identifier les variables discriminantes : ainsi une AFC effectuée sur des critères morphologiques a révélé une grande dispersion des génotypes AAB et une individualisation marquée des plantains.

Des méthodes d'analyses cladistiques sont également applicables. Toutefois, celles-ci pourraient conduire à des interprétations erronées pour des groupes d'espèces où la sexualité et les introgressions ont joué un rôle majeur dans l'évolution.

D'autres approches et divers outils d'analyse de la diversité ont été développés pour l'évaluation génétique des bananiers.

Evaluation à partir des caractères morphologiques

Un rappel sur les classifications traditionnelles à partir des caractères morphologiques (HORRY, 1993) permet de mettre en évidence que, parmi les 13 à 15 espèces d'*Eumusa*, 3 revêtent une importance particulière :

- *M. balbisiana* qui n'a pas de sous-espèces définies,
- *M. acuminata* divisé en sous-espèces, qui présente une grande diversité,
- *M. schizocarpa* dont 2 types morphologiques correspondant à 2 habitats ont été caractérisés.

M. acuminata et *M. balbisiana*, qui sont sympatriques dans certaines aires, ont produit de nombreux hybrides interspécifiques. Au niveau triploïde, ceux-ci sont baptisés AAB ou ABB en fonction de la prédominance des caractères *acuminata* ou *balbisiana* estimés par une quinzaine de variables morphologiques.

Le recouvrement en Papouasie - Nouvelle-Guinée de *M. schizocarpa* et *M. acuminata banksii*, ainsi que leur interfertilité ont rendu possible des introgressions entre ces espèces.

Polymorphisme enzymatique

Les hypothèses précédentes et les relations phylogénétiques entre les différents groupes et sous-groupes de bananiers ont pu être précisées grâce aux études de polymorphisme enzymatique. Ainsi, un compartiment centré sur la zone de distribution de *M. acuminata banksii* regroupe des bananiers à cuire (dont les plantains AAB) et/ou des diploïdes AA. Les liens génétiques de ces diploïdes avec *M. acuminata banksii* et le sous-groupe plantain semblent établis.

Un important travail sur la classification des bananiers du Pacifique a permis d'analyser 563 cultivars et 360 plants issus de semis pour 3 systèmes enzymatiques (LEBOT *et al.*, 1993) ; il a révélé 52 électromorphes. Cette étude confirme la forte différenciation entre *M. acuminata* et *M. balbisiana*. Elle a également permis de préciser la distribution géographique des 3 sous-groupes de bananiers à cuire du Pacifique (Popoulou, Maoli, Iholena) dont les morphotypes respectifs semblent résulter de mutations somatiques, vu l'identité de leurs profils enzymatiques.

* ORSTOM, BP 5045, 34032 Montpellier Cedex 1, France

La diversité génétique des bananiers évaluée par de nouveaux outils informatiques

X. PERRIER*

Depuis plusieurs millénaires la culture du bananier, qui s'est développée dans la plupart des régions équatoriales, a exploité la grande aptitude de la plante à se multiplier par la voie végétative. Les sélections successives, qu'elles soient d'origine naturelle ou humaine, ont abouti à l'observation, aujourd'hui, d'un grand nombre de cultivars différents. Cette diversité, à laquelle on peut associer de nombreuses formes sauvages, représente un potentiel considérable pour l'amélioration génétique.

Cependant pour utiliser ces ressources et en faire une gestion raisonnée, une bonne connaissance du matériel végétal disponible est nécessaire. Il faut notamment pouvoir identifier, le mieux possible, les différentes accessions en s'appuyant sur l'observation d'un certain nombre de caractéristiques phénotypiques. Dans le cas du bananier, celles-ci sont nombreuses et souvent délicates à décrire, ce qui peut conduire à des erreurs d'appréciation.

Il manquait donc un outil permettant d'aider les chercheurs à identifier plus facilement et plus sûrement les génotypes collectés, à partir de critères morphotaxonomiques. Cela a conduit le CIRAD-FLHOR à développer dès 1989 un premier logiciel interactif : MUSAID.

L'intérêt majeur de ce logiciel était de travailler en mode probabiliste. Il s'opposait en cela aux applications basées sur des réponses de tout ou rien, qui ne prennent pas en compte les imprécisions ou erreurs d'observation fréquentes sur des caractères parfois largement subjectifs.

Cependant, ce logiciel avait été conçu pour dialoguer avec l'utilisateur en mode littéral : l'expérience a montré que cela pouvait entraîner certains biais, dus à une inter-

prétation différente selon les observateurs, des descriptions des caractères à étudier.

Pour pallier cet inconvénient, une nouvelle version de MUSAID est en cours de réalisation qui utilise le traitement informatique de l'image.

Dans ce nouveau logiciel, chaque fois que nécessaire, les textes devraient être ainsi remplacés par des images caractéristiques. Il s'agira d'abord de dessins au trait ou de photographies illustrant au mieux les différentes modalités du caractère décrit. Ensuite, pour aider l'utilisateur à juger de la pertinence de sa détermination, des photographies représentatives des principaux génotypes du fichier de référence seront consultables en ligne. Une flore en images, à laquelle pourra être adjoint un résumé des principales informations (zone d'origine, ploïdie, sensibilité aux maladies, etc.), complètera ainsi l'application.

Cependant, la numérisation des images entraîne la gestion de fichiers informatiques de taille très élevée qui nécessitent des supports de stockage de capacité importante. Pour que l'utilisation des fonds iconographiques ne soit pas contraignante, il faut également un accès suffisamment rapide à l'illustration appelée. Or le disque CD-ROM répond à ces exigences : il offre une grande capacité de stockage et une bonne souplesse d'utilisation basée sur les techniques du multimedia, qui permettent à l'utilisateur de naviguer comme il l'entend et rapidement d'une information à l'autre. Un tel support est donc aujourd'hui envisagé pour implémenter à terme le volume élevé d'images lié à la très large diversité des bananiers.

En définitive, la nouvelle version du logiciel MUSAID offrira donc à l'utilisateur, outre un outil de détermination interactif et graphique, une banque de données contenant des images et diverses informations aptes à l'aider à gérer les ressources génétiques du bananier.

* CIRAD-FLHOR, BP 5035, 34032 Montpellier Cedex 1, France.

Marqueurs moléculaires

Le développement des techniques RFLP et RAPD devrait permettre, grâce à un marquage plus important et plus fin du génome, de préciser encore davantage l'organisation des bananiers. Les travaux de NOVAK (AFZA *et al.*, 1993) sur l'étude des RFLP révélés par des sondes oligonucléotides, et l'étude des RAPD, ont permis d'identifier de nombreux marqueurs spécifiques des génomes A et B.

Les travaux de CARREEL (CARREEL *et al.*, 1993) sont de même nature. Toutefois, les RFLP sont dans ce cas révélés par des séquences uniques. Cette étude préliminaire confirme le lien génétique établi entre les espèces et cultivars de la zone

Pacifique. L'équipe de NOVAK a pu, par ailleurs, mettre en évidence, grâce aux RAPD, du polymorphisme entre cultivars qui n'étaient pas identifiables par d'autres techniques de marquage moléculaire. C'est, en particulier, le cas au sein du sous-groupe Cavendish dont les différents morphotypes étaient jusqu'alors difficiles à caractériser du point de vue génétique. Un mutant de la variété Grande naine a pu ainsi être différencié de la variété maternelle. De même, l'Université de Birmingham a pu différencier, grâce aux RAPD, un cultivar de son mutant nain associé. Ces résultats ouvrent des perspectives importantes pour le contrôle de la variation somaclonale, l'identification de mutants induits et la protection juridique des cultivars.

Diversité structurelle des génomes

Grâce au recours à des techniques de cytométrie en flux, l'équipe de NOVAK (AFZA *et al.* 1993) a aussi mis en évidence une différence de taille entre les génomes A et B, respectivement 1,25 et 1,14 pg. Cette technique est par ailleurs très utile pour l'évaluation des niveaux de ploïdie et la détection d'éventuelles chimères de ploïdie.

L'analyse des anomalies chromosomiques observées chez la plupart des cultivars diploïdes, et en particulier le dénombrement des inversions et translocations, a fait l'objet d'études de cytogénétique par BAKRY (FAURÉ *et al.*, 1993a). Tous les cultivars diploïdes présentent au moins une translocation hétérozygote, tandis qu'aucune hétérozygotie structurelle n'est observée chez les bananiers sauvages. Il ne semble pas exister de lien strict entre hétérozygotie structurelle et stérilité. Cette observation peut s'expliquer d'une part par l'existence de systèmes géniques de stérilité et d'autre part par le fait que les translocations n'excluent pas la formation de 11 bivalents. L'importante hétérozygotie structurelle observée chez les cultivars diploïdes suggère une origine hybride inter sous-espèces. Toutefois, des remaniements chromosomiques ont déjà été observés au sein d'une même sous-espèce. L'établissement d'une carte cytogénétique chez *acuminata* par l'étude d'hybrides intra et inter sous-espèces apporterait, sans nul doute, d'intéressantes informations phylogénétiques.

Des travaux de cartographie du génome (FAURÉ *et al.*, 1993b) ont permis d'apporter des renseignements très précieux sur l'implication des réarrangements structuraux dans la transmission et la recombinaison des fragments chromosomiques. Ils aboutissent à une vision dynamique de l'évolution des bananiers et devraient permettre une meilleure exploitation de ces remaniements dans les schémas d'amélioration par hybridations entre sauvages et cultivés. Par ailleurs, ce travail de cartographie a permis de préciser l'héritabilité de certains caractères d'intérêt agronomique, notamment de résistances aux parasites et maladies.

Conclusion

Certaines caractéristiques biologiques des bananiers en font un matériel végétal très intéressant et original. Cela concerne notamment :

- leurs différents niveaux de ploïdie,
- les échanges génétiques et des introgressions obtenus par multiplication sexuée entre différents génomes occupant les mêmes zones écogéographiques,
- l'apparition de variants au cours de la multiplication végétative des cultivars, etc.

La complémentarité des travaux entrepris et la maîtrise acquise des outils de marquage génétique et cytogénétique peuvent être remarquées : ces nouvelles techniques apportent des éléments nouveaux d'analyse de la diversité allélique et structurelle. Les résultats obtenus permettent l'identification génétique univoque des cultivars, grâce en particulier aux RAPD.

Par ailleurs, les études de l'organisation du complexe d'espèces et la vision dynamique apportée par la combinaison de la cytogénétique et de la cartographie du génome ouvrent des perspectives nouvelles pour une exploitation raisonnée des ressources génétiques et le choix de croisements avec des groupes génétiques bien identifiés (intra et inter groupes).

Les marqueurs génétiques, enfin, procurent des aides irremplaçables à la sélection, au choix et au contrôle du matériel végétal.

Il convient donc de soutenir et de développer les recherches novatrices récemment lancées sur la génétique des bananiers (connaissance de base) dans une approche multidisciplinaire dont la synthèse valorisera les travaux, et l'action à moyen terme pour des objectifs spécifiques (types de bananes, résistances aux maladies et adaptation au milieu).

Références

In: *Breeding Banana & Plantain: Proceedings of an International Symposium on Genetic Improvement of Bananas for Resistance to Diseases and Pests, held in Montpellier, France, 7-9 september 1992.* Montpellier (France) : CIRAD-FLHOR, INIBAP, 393 p.

AFZA (R.), KÄMMER (D.), DOLEZEL (J.), KÖNIG (J.), VAN DUREN (M.), KAHL (G.) and NOVAK (F.J.). 1993.
The Potential of Nuclear DNA Flow-Cytometry and DNA Fingerprinting for *Musa* Improvement Programmes. 65-75.

CARREEL (F.), FAURÉ (S.), HORRY (J.P.), NOYER (J.L.) and GONZÁLES DE LEÓN (D.). 1993.
Application of RFLPs to MUSA sp.: a preliminary diversity study. Abstract of poster, p. 373.

CHARRIER (A.). 1993
Synthesis of Part 1: Plant-Related constraints. 93-95.

FAURÉ (S.), BAKRY (F.) and GONZÁLES DE LEÓN (D.). 1993a.
Cytogenetics Studies of Diploid Bananas. 77-83.

FAURÉ (S.), NOYER (J.L.), HORRY (J.P.), BAKRY (F.), LANAUD (C.) and GONZÁLES DE LEÓN (D.). 1993b.
Genetic Mapping of the Diploid Genome of Bananas (*Musa acuminata*). 55-63.

HORRY (J.P.). 1993.
Taxonomy and Genetic Diversity of Diploid Bananas. 35-42.

LEBOT (V.), ARADHYA (K.M.), MANSCHARDT (R.) and MEILLEUR (B.). 1993.

Isozymes and Classification of Pacific Bananas and Plantains. 43-53.

PERRIER (X.). 1993.
Numerical Analysis of Genetic Diversity in Banana. 23-34.

Addendum : Le décès du Dr Novak, intervenu entre le déroulement du Symposium et la publication de ce document, nous amène à présenter à son épouse et à sa famille nos sincères condoléances, au nom de l'ensemble des participants à ce Symposium.