

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 adjoind 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 oligonucléotidiques, 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.