

Prix de mémoire de fin d'étude de la Fondation Xavier Bernard

ANNEE : 2026

TITRE : Etude génétique sur les critères de qualité des fruits d'hybrides de bananiers : évaluation des aptitudes générales et spécifiques à la combinaison et détection de QTL par GWAS.

AUTEUR : Victor PERRIER

ECOLE : Institut Agro Rennes-Angers

Laboratoire d'accueil : CIRAD, Station de Neufchâteau, Guadeloupe

Rapporteurs : Mathilde CAUSSE & André GALLAIS

Résumé : La culture de la banane est vulnérable à la propagation de bioagresseurs en raison de la forte homogénéité génétique des variétés cultivées. De fait, l'amélioration variétale constitue un levier intéressant, mais se heurte à la difficulté de combiner résistance aux bioagresseurs et qualité des fruits. En particulier, le brunissement enzymatique et le dégrain représentent des freins majeurs. Ce mémoire vise à mieux comprendre le déterminisme génétique de ces caractères par l'évaluation des aptitudes à la combinaison et l'identification de QTL par GWAS. Une population multiparentale a été évaluée dans un dispositif de sélection du CIRAD de Guadeloupe. Les analyses ont mis en évidence une héritabilité élevée pour les différents caractères, avec une contribution faible des aptitudes à la combinaison. Par ailleurs, l'analyse d'association a permis d'identifier deux QTLs liés au brunissement enzymatique bien que l'interprétation des résultats soit limitée par les contraintes expérimentales.

Abstract : Banana cultivation is vulnerable to the spread of pests and diseases due to the high genetic uniformity of cultivated varieties. Therefore, varietal improvement represents an interesting lever, but it faces the challenge of combining resistance to pests and diseases with fruit quality. In particular, enzymatic browning and finger drop are major constraints. This study aims to better understand the genetic determinism of these traits through the evaluation of combining abilities and the identification of QTLs via GWAS. A multiparental population was evaluated in selection scheme at CIRAD in Guadeloupe. Analyses revealed high heritability for the different traits, with a low contribution of combining abilities. Furthermore, association analysis identified two QTLs linked to enzymatic browning, although the interpretation of the results was limited by experimental constraints.

Contexte et enjeux

La banane occupe une place importante dans la sécurité alimentaire et financière de nombreux pays. En particulier, les bananes desserts, premier fruit d'exportation en volume, font l'objet d'un commerce mondial organisé. Or, cette culture repose sur quelques variétés cultivées à grande échelle. Cette forte homogénéité génétique favorise la propagation des bioagresseurs et fragilise la production mondiale, fortement dépendante des produits phytosanitaires. C'est dans ce contexte que la filière banane est repensée pour adopter des modèles de production plus durables, notamment via le levier génétique. Mais bien que les programmes de sélection soient davantage portés sur la création de variétés résistantes aux bioagresseurs, la difficulté à sélectionner des bananes avec une qualité des fruits post-récolte satisfaisant les exigences du marché constitue un frein à leur déploiement. Parmi les désordres physiologiques impactant la qualité post-récolte des fruits, le brunissement enzymatique est un processus caractérisé par l'apparition de taches brunes sur la peau du fruit à l'issue de frottement (appelé brunissement) ou de choc physique (appelé meurtrissure). Le dégrain est un autre désordre physiologique majeur entraînant la séparation des fruits de la main par affaiblissement de leur insertion. Le déterminisme génétique de ces désordres est encore mal compris mais la sensibilité à ces traits varie selon le génotype, ouvrant des perspectives intéressantes pour la sélection variétale.

Objectifs et méthodes

Face à ces enjeux, il est essentiel d'orienter la sélection variétale vers l'amélioration de la qualité des fruits en complément des résistances aux bioagresseurs. Or, la faible fertilité des bananiers, leur morphologie contraignante et la complexité du phénotypage de ces désordres physiologiques limitent le nombre de descendants pouvant être évalués chaque année. C'est pourquoi l'optimisation des croisements constitue une approche stratégique pour maximiser les chances de produire et sélectionner des descendants intéressants.

Ce mémoire s'articule autour des questions de recherche suivantes : (1) Quelle est l'héritabilité, et quelle est la contribution respective des aptitudes générales et spécifiques à la combinaison (AGC/ASC) à la variance génétique de ces caractères de qualité ? (2) Quelle est l'architecture génétique du brunissement enzymatique et du dégrain ?

Pour évaluer les aptitudes à la combinaison, nous avons exploité une population multiparentale d'individus diploïdes, répartis sur plusieurs parcelles, toutes construites selon le design d'un dispositif de sélection de bananier au CIRAD, et sur lequel a été développé un modèle permettant de prendre en compte l'hétérogénéité spatiale (Toniutti et al., 2025). Pour décrire l'architecture génétique des désordres physiologiques, nous avons mené une analyse d'association (GWAS) sur cette même population.

Points forts

Les résultats mettent en évidence une diversité phénotypique marquée, ainsi qu'un contrôle vraisemblablement polygénique pour des traits fortement héritable. Seuls deux QTLs, spécifiques à quelques familles, ont été détectés pour le trait de meurtrissure, suggérant un apport bénéfique en sélection du sous-génome B. Malgré le risque élevé de faux positifs, les enrichissements en fonctions biologiques et composés cellulaires liés au stress oxydatif observés au niveau de ces QTLs constituent des pistes intéressantes à approfondir. Pour l'amélioration parentale, en raison des héritabilités élevées, de la faible contribution des aptitudes à la combinaisons (AGC/ASC), et des corrélations favorables entre traits, la sélection des géniteurs sur la valeur per se pourrait permettre d'améliorer tout de même la descendance. De manière générale, la portée des résultats est limitée en raison de plusieurs biais propres au phénotypage, au dispositif expérimental et à la taille de population.

Productions scientifiques /

Perspectives envisagées

Les limites de l'étude pourraient être partiellement atténuées par le phénotypage complet de la population d'étude et des témoins du dispositif, par l'intégration de plus de parents (génome BB notamment), de croisements, et d'individus par croisement. Cet effort pourrait être facilité par le phénotypage à haut débit actuellement en cours de développement pour ces traits. Dans une perspective de consolidation d'étude du déterminisme génétique, la réalisation de QTL mapping sur une population biparentale à partir de parents contrastés issue de cette caractérisation, serait adapté à l'étude de trait à contrôle polygénique. Parallèlement, la prédiction génomique et/ou phénomique, représente une piste intéressante, notamment dans un contexte où la contribution des termes d'AGC et ASC sont faibles, car elle permettrait de sélectionner précocement sans phénotypage.

Votre appréciation personnelle

Cette étude est la première caractérisation de la variabilité phénotypique et du déterminisme génétique du brunissement enzymatique et du dégrain sur une population diploïde en tenant compte de l'hétérogénéité spatiale d'un dispositif de sélection du CIRAD. Ces travaux mettent en évidence l'intérêt de combiner l'amélioration parentale et la sélection sur triploïdes pour optimiser la qualité post-récolte, tout en renforçant les résistances aux bioagresseurs.