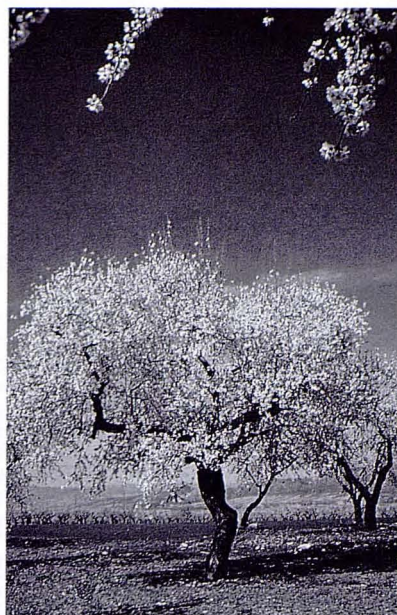


DE NOUVEAUX OUTILS POUR L'AMÉLIORATION DES ARBRES FRUITIERS



QUAND UN MARQUEUR EST TRÈS PROCHE OU COÏNCIDE AVEC LA POSITION D'UN CARACTÈRE INTÉRESSANT, IL A TENDANCE À HÉRITER DES GÈNES DE CE CARACTÈRE ET INVERSEMENT. IL EN RÉSULTE QU'EN CONNAISSANT LA NATURE D'UN MARQUEUR TRÈS PROCHE, ON POURRA PRÉDIRE CELLE D'UN CARACTÈRE DÉTERMINÉ.

PERE ARÚS CO-DIRECTEUR DE L'UNITÉ MIXTE DE GÉNÉTIQUE ET BIOTECHNOLOGIE VÉGÉTALE, ET COORDINATEUR DU PROJET EUROPÉEN CONCERNANT L'ÉTABLISSEMENT DE LA CARTE GÉNÉTIQUE DU GENRE *PRUNUS*, IRTA-CENTRE DE CABRILS

En novembre 1993 a été mis en route un nouveau projet auquel participent six groupes de recherche spécialisés dans l'amélioration génétique des arbres fruitiers. Parmi ces groupes, deux sont français (INRA d'Orléans et de Bordeaux), un anglais (HRI d'East Malling), un italien (ISF de Rome) et deux espagnols (CIMA d'Arkaute et le groupe catalan de l'Unité mixte IRTA-CSIC de génétique et biotechnologie végétale). Leur mission est de développer une nouvelle technique

génétique, les marqueurs moléculaires, destinée à simplifier le procédé d'obtention de nouvelles variétés d'arbres fruitiers, de meilleure qualité, résistant mieux aux parasites, à la maladie et possédant d'autres caractéristiques intéressantes.

Le genre *Prunus*, qui concerne ce projet, comprend quatre arbres fruitiers cultivés pour leurs fruits sucrés (cerisier, abricotier, pêcher et prunier), un pour ses fruits secs (amandier) et diverses espèces d'intérêt forestier et ornemental.

À l'instar de toutes les plantes ligneuses, le prunus se caractérise par sa longue période intergénérationnelle –il s'écoule d'ordinaire de 3 à 5 ans depuis le produit semé ou la greffe jusqu'à la production commerciale– et par la grande étendue de terrain que requiert chaque individu. Ces deux circonstances font que le processus d'obtention de variétés améliorées, reposant sur la sélection durant plusieurs générations (souvent plus de cinq) et sur l'analyse de milliers d'individus, soit pour cette espèce par-



MARQUEUR MOLÉCULAIRE



ticulièrement long, coûteux et difficile. Les énormes progrès réalisés ces dernières années par la génétique moléculaire ont permis d'étudier dans les détails la molécule portant l'information génétique, l'ADN, ainsi que ses produits directs, les protéines. En utilisant des techniques moléculaires, il est possible de détecter de petites différences entre des individus quant à l'ADN ou aux protéines. L'étude génétique de ces différences permet de détecter des polymorphismes d'hérédité simple qui sont appelés marqueurs moléculaires et qui sont répartis dans tout l'ADN des êtres vivants. Comme l'emplacement de ces marqueurs sur les chromosomes peut être déterminé, on peut les utiliser comme des repères dans la molécule de l'ADN, ce qui permet de localiser les gènes qui sont importants pour la vie des plantes, ou qui ont une valeur spéciale dans l'amélioration génétique, en l'occurrence ceux qui déterminent les propriétés des arbres à fruits sucrés, ou ceux qui les rendent résistants aux maladies.

Quand un marqueur est très proche ou coïncide avec la position d'un caractère intéressant, il a tendance à hériter des gènes de ce caractère et inversement. Il en résulte qu'en connaissant la nature d'un marqueur très proche, on pourra prédire celle d'un caractère déterminé. Cette propriété est extrêmement utile vu que l'analyse d'un marqueur se fait en prélevant une certaine quantité d'ADN de la plante –à partir d'une feuille, par exemple–, opération que l'on peut faire bien avant de savoir comment sera le caractère recherché.

Grâce aux marqueurs, on pourra donc savoir quelques mois après avoir planté une graine d'amandier si la plante adulte aura des fleurs roses ou blanches, si la coque de l'amande sera dure ou molle, ou si l'amande sera douce ou amère, autant de caractères que la plante ne montre que trois ou quatre ans plus tard. Cette information permet au sélectionneur de choisir très tôt les plantes qui l'intéressent le plus et d'éliminer les autres, ce qui, par rapport à la méthode traditionnelle, lui fera gagner du temps, de l'espace et de l'argent.

Pour pouvoir en arriver là, il est nécessaire d'étudier un grand nombre de marqueurs de l'espèce concernée et de déterminer leur degré de proximité, ce qu'on appelle leur groupe de liaison. Les marqueurs qui se trouvent dans le même chromosome sont reliés entre eux et pourront être alignés pour former un groupe de liaison, un par chromosome, l'ensemble des groupes de liaison recevant le nom de "carte génétique" de l'espèce. Si la "carte" contient un grand nombre de marqueurs, il y en aura probablement un qui sera étroitement lié au gène affectant le caractère qui nous intéresse, et on pourra donc l'utiliser pour faire la sélection.

Si deux espèces sont très proches quant à leur évolution, il est prévisible que leurs cartes seront également très semblables. Les données que nous possédons sur les arbres fruitiers du genre *Prunus* nous incitent à croire que ceux-ci se ressemblent énormément du point de vue génétique et que par conséquent la carte génétique de l'un d'entre eux sera valable pour tous les autres. C'est sur cette observation que repose le pro-

jet européen concernant des marqueurs de l'espèce *Prunus*. Ce projet consistera d'abord à confectionner, avec la collaboration de tous les participants, une seule carte pour le genre en question, puis, à l'aide des données de cette carte, à localiser des marqueurs utiles à la sélection de caractères importants de l'espèce intéressant chacun des participants. Vingt-six caractères, certains d'hérédité simple, d'autres d'hérédité complexe, seront ainsi analysés. Cinq d'entre eux sont résistants aux parasites ou aux maladies, huit concernent la qualité des fruits ou des graines, trois sont liés à la diversification de l'offre, cinq à l'époque de production et la stabilité de la récolte, les cinq derniers à d'autres aspects végétatifs de la plante. Possédant des caractéristiques qui ont toujours posé des problèmes aux chercheurs et sélectionneurs, les espèces ligneuses sont en règle générale très mal connues du point de vue génétique. Les données obtenues par ce projet nous permettront de progresser dans la connaissance génétique des arbres fruitiers.

Elles nous fourniront des renseignements sur leur variabilité, sur la ressemblance existant entre les différentes espèces et, surtout, sur l'hérédité des caractères les plus importants quant à leur amélioration. Cette étude mettra, nous semble-t-il, à la disposition des chercheurs, agriculteurs et entreprises concernés par la culture des arbres fruitiers des outils qui leur faciliteront la tâche et leur permettront d'offrir des produits plus variés, de meilleure qualité et plus adaptés aux besoins et demandes du consommateur. ■