

Sunda ou Sahul ? L'origine de la grande igname



Le projet se développe sur un réseau de partenaires travaillant sur les ignames en Afrique (IITA), en Inde (CTCRI), en Papouasie-Nouvelle-Guinée (NARI), au Vanouatou (CTRAV) en collaboration avec le CIRAD pour permettre le développement de programmes d'amélioration génétique face aux nouvelles contraintes dues aux changements climatiques.

OBJECTIFS

Il s'agit d'élucider l'origine de la grande igname, *Dioscorea alata*. Les objectifs spécifiques de ce projet sont :

- clarifier la relation entre la grande igname et les espèces apparentées et analyser leur diversité génétique via l'utilisation de marqueurs NGS ;
- caractériser 100 accessions de *D. alata*, originaires d'Afrique, d'Inde, de Papouasie-Nouvelle-Guinée et de Mélanésie puis d'évaluer leur potentiels agronomique et d'amélioration génétique en réponse aux changements climatiques ;
- caractériser les teneurs en amidon de différents génotypes et (iv) améliorer la compréhension de la domestication de cette espèce sur la plaque continentale Sunda puis de son transfert vers la Mélanésie.



RESULTATS

- Arbre génétique et l'identification des espèces de *Dioscorea* les plus proche de la grande igname.
- Étude de la diversité génétique des variétés de *D. alata* cultivées dans le monde (rapport de mastère en génétique).
- Étude des caractéristiques physico-chimiques des amidons d'accessions sélectionnées et évaluation de leurs potentiels en transformation.
- Composition d'un échantillon représentatif de la diversité utile de l'espèce.
- Distribution géographique de diversité allélique aux agriculteurs des pays des institutions partenaires.

Responsable : Vincent Lebot
vincent.lebot@cirad.fr **Unite de recherche :** AGAP
Pays concernés: Inde, Malaisie, Nigéria, Vanuatu

Date de démarrage : 01/01/2015
Date de clôture : 31/12/2016
Montant : 145 000 Euros

ACTIONS

Une clarification taxonomique des échantillons d'herbiers et des accessions est conduite sur l'aire d'origine du *D. alata* (Papouasie-Nouvelle-Guinée et Mélanésie). L'utilisation de marqueurs ADN permet de comprendre la phylogénie et les relations entre sauvages et cultivées. Enfin, la caractérisation morpho-agromorphologique des accessions ainsi que l'étude des propriétés organoleptiques vise à composer un échantillon représentatif destiné aux petits producteurs.

