

Etude de la biodiversité de bananiers sauvages ou peu cultivés pour compléter la phylogénie existante et alimenter les futurs programmes d'amélioration

Marie-Line ISKRA-CARUANA*¹, Linh NGUYEN DIEU¹, Ronan RIVALLAN², Xavier PERRIER², Christophe JENNY², Thomas HAEVERMANS³, Ngoc-Sam LY⁺⁺⁴, Gabriel SACHTER-SMITH⁵, Tien Dung TRIEU⁶, Oudomphone INSISIENGMAY⁷, Ting ZHANG⁸, Julie SARDOS⁵ et Matthieu CHABANNES*^{++#1}

¹ CIRAD, UMR BGPI, F-34398 Montpellier, France.

BGPI, Univ Montpellier, CIRAD, INRA, Montpellier SupAgro, Montpellier, France.

² CIRAD, UMR AGAP, F-34398 Montpellier, France.

AGAP, Univ Montpellier, CIRAD, INRA, Montpellier SupAgro, Montpellier, France.

³ MNHN, Institut de Systématique, Evolution, Biodiversité, UMR 7205 ISYEB, CP 50, 45 rue Buffon 75005 Paris, France.

⁴ Department of Biological Resources, Institute of Tropical Biology, Vietnam Academy of Science and Technology, 85 Tran Quoc Toan road, Dist.3, Ho Chi Minh City, Vietnam

⁵ Bioersivity International, Parc Scientifique Agropolis II, 34397 Montpellier Cedex 5, France

⁶ Northern Mountainous Agriculture and Forestry Science Institute (NOMAFSI), Phú Hộ Commune, Phú Thọ District, Phú Thọ Province, Vietnam.

⁷ Cabinet of Lao Academy of Science, Ministry of Science and Technology, Sidamdaoune Village, Chanthabouly District, Vientiane Lao PDR

⁸ Kunming Institute of Botany, The Chinese Academy of Sciences, Heilongtan, Kunming, Yunnan 650204, P. R. China

++ Responsables du projet DiVBa (Projet SEP2D)

* Responsables du projet BforBB (Projet Agropolis fondation)

Contact auteur : Matthieu Chabannes (matthieu.chabannes@cirad.fr)

L'accès à une plus grande biodiversité de *Musa* pourrait permettre la création de nouvelles bananes pour répondre à la demande alimentaire croissante. Actuellement, une grande partie de la production mondiale repose sur un nombre limité de cultivars comestibles multipliés clonalement. Ces clones ont une diversité génétique étroite, sont sensibles aux principaux ravageurs et maladies et ne sont pas adaptés aux changements climatiques à venir. Dans deux projets, DiVBa financé par SEP2D et BforBB financé par la fondation Agropolis, nous avons cherché à caractériser la diversité des bananiers contenant du génome *M. balbisiana* (génome B), qui sont, à ce jour, sous-utilisés dans les programmes d'amélioration.

Les ressources de *M. balbisiana* possèdent naturellement dans leur génome des séquences du Banana streak virus (eBSV). Certains eBSV sont capables de restituer spontanément des particules virales infectieuses, ce qui empêche l'utilisation des génomes *M. balbisiana* dans les programmes d'amélioration. Un génotypage approfondi des eBSV et un phénotypage BSV des ressources de *M. balbisiana* sont donc nécessaires, non seulement à des fins de sélection mais aussi pour renforcer la caractérisation de *Musa*. Notre groupe a en effet établi que les eBSV sont de bons marqueurs phylogénétiques qui peuvent être utilisés pour appréhender la structuration et l'origine géographique de *M. balbisiana*.

Nous avons collecté 364 échantillons de bananiers sauvages ou cultivés localement dans la partie continentale de l'Asie du Sud-Est (nord du Vietnam, nord du Laos et province du Yunnan en Chine) qui représentent un hot spot de la biodiversité de Musa. Des données préliminaires de génotypage seront présentées. Les deux projets ont également contribué à la gestion durable et à la conservation de la biodiversité des bananiers sauvages et cultivées dans les pays visités où les collections ont été enrichies avec les nouveaux génotypes collectés.

Mot-clés : diversité génétique, virus intégré, banana streak virus, Asie du sud Est