

FsoV

-



ALMA MATER STUDIORUM
UNIVERSITA DI BOLOGNA



MOSAIC

-

Développement d'outils phénotypique et génotypique pour améliorer la sélection de la résistance du blé dur à deux virus des mosaïques du blé

Ellen DUGUE-GOUEMAND / FLORIMOND DESPREZ



17 Mai 2022 - PARIS

Introduction

SBCMV

Virus de la Mosaïque des céréales (VMC)
Soil-borne cereal mosaic virus

Genre Furovirus

Présent dans de nombreuses régions Françaises, mais avec un développement particulier en Région Centre.
Les dégâts peuvent être importants sur blé tendre et blé dur.



WSSMV

Virus de la Mosaïque des stries en fuseaux du blé (VSFB)
Wheat Spindle Streak Mosaic Virus

Genre Bymovirus

Blé dur très sensible à ce virus qui se développe dans tous les types de sol et progresse chaque année dans les quatre bassins de production.

Transmis aux céréales à paille par un micro-organisme du sol de la famille des plasmodiophorales, *Polymyxa graminis*, parasite obligatoire des racines.

Les mosaïques provoquent une réduction du système racinaire des blés infectés, ce qui les affaiblit considérablement. Les pertes de rendement pouvant atteindre 50 à 70% chez les variétés les plus sensibles de blés durs et tendres.



Introduction

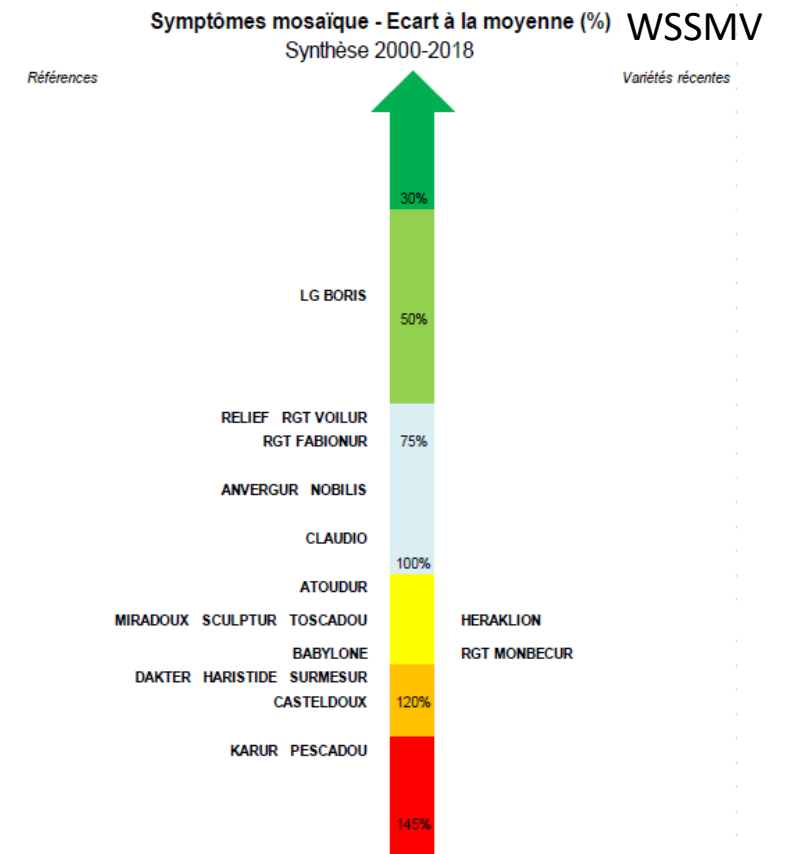
Il existe une forte interaction entre le froid et le développement du virus, qui se traduit par des dégâts plus régulièrement importants en région Centre. Les deux virus peuvent être présents irrégulièrement dans une même parcelle. Selon les conditions climatiques, c'est un virus ou l'autre qui s'exprimera le plus.

→ Cela rend l'évaluation du matériel génétique difficile pour le sélectionneur

Il n'y a aucun moyen de lutte contre le vecteur (*Polymyxa graminis*) et aucun traitement n'est efficace sur les virus. Outre le décalage de la date de semis, le seul moyen de lutte efficace est **la culture de variétés résistantes**.

Il existe de nombreuses variétés de blé tendre résistantes aux mosaïques, alors qu'aucune variété de blé dur cultivée n'est résistante à ces deux virus. Seule la variété Soldur, inscrite en 1996, l'était vis-à-vis de WSSMV.

Aujourd'hui, les variétés en haut du classement ARVALIS ne sont pas des variétés résistantes mais tolérantes. Elles sont à privilégier sur des faibles attaques. En cas de fortes attaques, elles montrent des symptômes comme les autres.



Introduction

Déterminisme de la résistance aux mosaïques

SBCMV

Sbm1 en blé tendre, gène majeur de résistance localisé sur le chromosome 5DL

QSbm.ubo-2BS = *Sbm2*, QTL de résistance détecté dans la variété de blé dur italienne Meridiano

Résistance de Dic2 et Soldur inconnue

WSSMV

Dic2 → 2 QTL majeurs de résistance sur les chromosomes 7A et 7B (*Qssm-mtpsa-7A* et *Qssm-mtpsa-7B*)

QTL majeur de résistance détecté chez blé tendre sur le chromosome 2D

The *Sbm1* locus conferring resistance to Soil-borne cereal mosaic virus maps to a gene-rich region on 5DL in wheat

C. Bass, R. Hendley, M.J. Adams, K.E. Hammond-Kosack, and K. Kanyuka

Mol Breeding (2012) 29:915–988
DOI 10.1007/s11032-011-9673-8

Genetic analysis of Soil-Borne Cereal Mosaic Virus response in durum wheat: evidence for the role of the major quantitative trait locus *QSbm.ubo-2BS* and of minor quantitative trait loci

Marco Maccaferri · Rossella Francia · Claudio Ratti · Concepcion Rubies-Autonell · Chiara Colalongo · Gianluca Ferrazzano · Roberto Tuberosa · Maria Corinna Sanguineti

Theor Appl Genet (2017) 130:1491–1505
DOI 10.1007/s00122-017-2904-6



ORIGINAL ARTICLE

Epistatic determinism of durum wheat resistance to the wheat spindle streak mosaic virus

Yan Holtz¹ · Michel Bonnefoy³ · Véronique Viader² · Morgane Ardisson² · Nicolas O. Rode² · Gérard Poux² · Pierre Roumet² · Véronique Marie-Jeanne³ · Vincent Ranwez¹ · Sylvain Santoni² · David Gouache⁴ · Jacques L. David¹



Plant Pathology (2019) 68, 609–616

Doi: 10.1111/ppa.12972

Genome-wide association analysis of resistance to wheat spindle streak mosaic virus in bread wheat

D. Hourcade^{a*}, M. Bogard^a, M. Bonnefoy^b, F. Savignard^b, F. Mohamadi^c, S. Lafarge^d, P. Du Cheyron^e, N. Mangel^c and J. P. Cohan^e

^aArvalis – Institut du Végétal, 6 Chemin de la côte vieille, 31450 Bazège; ^bArvalis – Institut du Végétal, 45 Voie Romaine, 41240 Beauca-la-Romaine; ^cArvalis – Institut du Végétal, Station expérimentale, 91720 Boigneville; ^dBiogerma, Route d'Ernezat, 63720 Chappes; and ^eArvalis – Institut du Végétal, Station expérimentale, 91190 Villiers le bâcle, France





- Le projet avait pour objectif premier de **mettre au point un test de résistance à SBCMV et WSSMV en conditions contrôlées**. Le sélectionneur pourra ainsi sélectionner son matériel de manière plus efficace car l'expression de la maladie est difficile à maîtriser au champ. Elle n'est pas présente de façon homogène au sein d'un même champ ce qui ne permet pas une évaluation non-biaisée des individus.
- Le projet améliorera également la **localisation des régions chromosomiques (QTL) des lignées de blé dur « Dic2 » et « Soldur » impliquées dans la résistance à SBCMV et WSSMV**. Des marqueurs Kaspar liés à ces QTL seront développés pour rendre ces QTL plus facilement utilisables en sélection.
- Enfin, le projet propose d'identifier des **marqueurs moléculaires étroitement liés au gène Sbm2 de résistance à SBCMV** dans la variété de blé dur « Meridiano » par une approche de cartographie fine. Grâce à ces marqueurs moléculaires liés à Sbm2, le sélectionneur pourra facilement utiliser le gène Sbm2 en sélection et produire de nouvelles variétés de blé tendre et de blé dur plus résistantes au SBCMV.



WP1 - Développement d'un outil phénotypique

Des échantillons de sols infectés (France, Allemagne, Italie) ont été prélevés et analysés.

- Le virus SBCMV a été identifié à 80% dans les sols de Vatan et Bologne, à 20% dans les sols de Guilly et Chambon, et n'a pas été détecté dans les sols de Pray, et de Westerrade.
- Le virus WSSMV n'a pas été détecté dans le sol de Westerrade mais il était bien présent dans les autres sols testés.

Un panel de 28 génotypes au comportement globalement connus vis-à-vis de SBCMV et/ou WSSMV a été construit pour mettre en place le test phénotypique optimal en conditions contrôlées.

Ind	Specie	Comment	WSSMV	SBCMV	Cross
LEVANTE	Durum	parent of population	-	R	Simeto x Levante
LLOYD	Durum	parent of population	S	-	Dic2 x Lloyd
MERIDIANO	Durum	parent of population	-	R	Meridiano x Claudio
MONASTIR	Durum	parent of population	-	R	Monastir x Odisseo
ODISSEO	Durum	parent of population	-	S	Monastir x Odisseo
PESCADOU	Durum	parent of population	S	S	Pescadou x Soldur
SENATORE_CAPPELLI	Durum	founder, sequenced	-	R	NAM
SILUR	Durum	parent of population	S	-	Dic2 x Silur
SIMETO	Durum	parent of population	-	S	Simeto x Levante
SOLDUR	Durum	parent of population	R	R	Pescadou x Soldur
SVEVO	Durum	Sequenced line		R	Ciccio x Svevo
ARONDE	Durum	-	S	R	-
CICCIO	Durum	parent of population	-	S	Ciccio x Svevo
CLAUDIO	Durum	parent of population	-	S	Meridiano x Claudio
AZTEC	Bread	parent of population	R	S	Tremie x Aztek
CADENZA	Bread	will be sequenced	R	R	
CEZANNE	Bread	-	S	S	
CLAIRE	Bread	parent of population	R	R	Claire x Savannah
CORDIALE	Bread	-	S	R	
TOMCLAIR	Bread	-	S	R	
GONCOURT	Bread	-	S	S	
SAVANNAH	Bread	parent of population	R	S	Claire x Savannah
TREMIE	Bread	parent of population	R	R	Tremie x Aztek
DIC2	Dicoccum	parent of population	R	R	Dic2 x Silur
DV92	Monococum	-	-	-	-
MDR002	Monococum	-	-	-	-
PI272560	Monococum	parent of population	-	-	PI272560 x PI36554
PI36554	Monococum	parent of population	-	-	PI272560 x PI36554



WP1 - Développement d'un outil phénotypique

Plusieurs expérimentations ont été réalisées au fil du projet, en chambre de culture et en serre, afin de tester différents paramètres : **échantillon de sol, prégermination des graines, température (jour/nuit), date de notation (entre 10 et 18 semaines après semis), blessure mécanique des racines et application de fertilisant.**



Conclusions: Il est fortement recommandé d'échantillonner des sols, à 15-30cm de profondeur, sur lesquels des plantes infectées ont été observées.

La prégermination des graines permet d'améliorer l'homogénéité des expérimentations. Couper les racines n'augmente pas le taux d'infection.

Le type et le moment d'application du fertilisant montrent une forte influence sur le taux d'infection. Une quantité modérée ainsi qu'une application 8 semaines après le semis augmentent le taux et l'efficacité d'infection (analyse de la disponibilité en fertilisant dans les sols recommandée).

Températures optimales de 12°C jour et 10°C nuit pour le bon développement des virus.



Evaluation de ressources génétiques

- Screening d'un panel d'*Aegilops tauschii*

150 génotypes fournis par le JIC. Phénotypage en serre sur 2 sols allemands (Elxleben et Westerrade). Elxleben : 24 lignées sensibles, 36 moyennement sensibles, 42 moyennement résistantes et 49 résistantes.

- Screening d'un panel de *Triticum dicoccoides*

245 génotypes fournis par l'université de Bologne. Phénotypage en serre sur les sols de Bologne et d'Elxleben. Les tests ELISA montrent que la plupart des *Triticum dicoccoides* sont sensibles à SBCMV et SBWMV (11 lignées résistantes), mais moins sensibles à WSSMV (173 lignées résistantes).

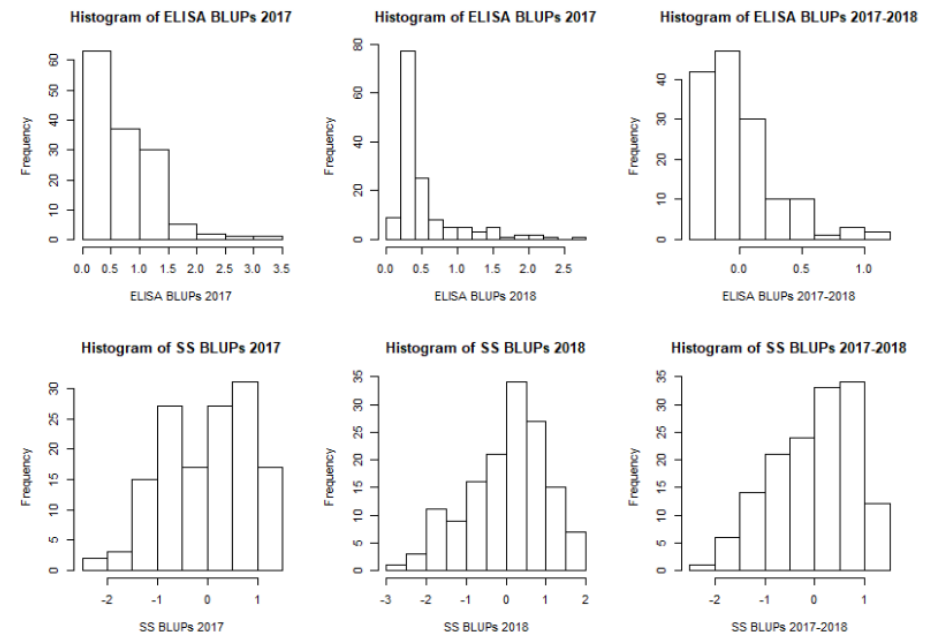


WP2 – Résistance aux virus chez Dic2 et Soldur

Résistance à WSSMV dans la population KARUR x SOLDUR

144 RILs issues de 2 populations Karur x Soldur [KS] et Pescadou x Soldur [PS]
Phénotypage en 2016-2017 et 2017-2018 à Pray (infection naturelle WSSMV)
Notations: sévérité des symptômes (0 à 5) et concentration de virus par ELISA
Génotypage par séquençage (PLOS one, Holz et al. 2016)

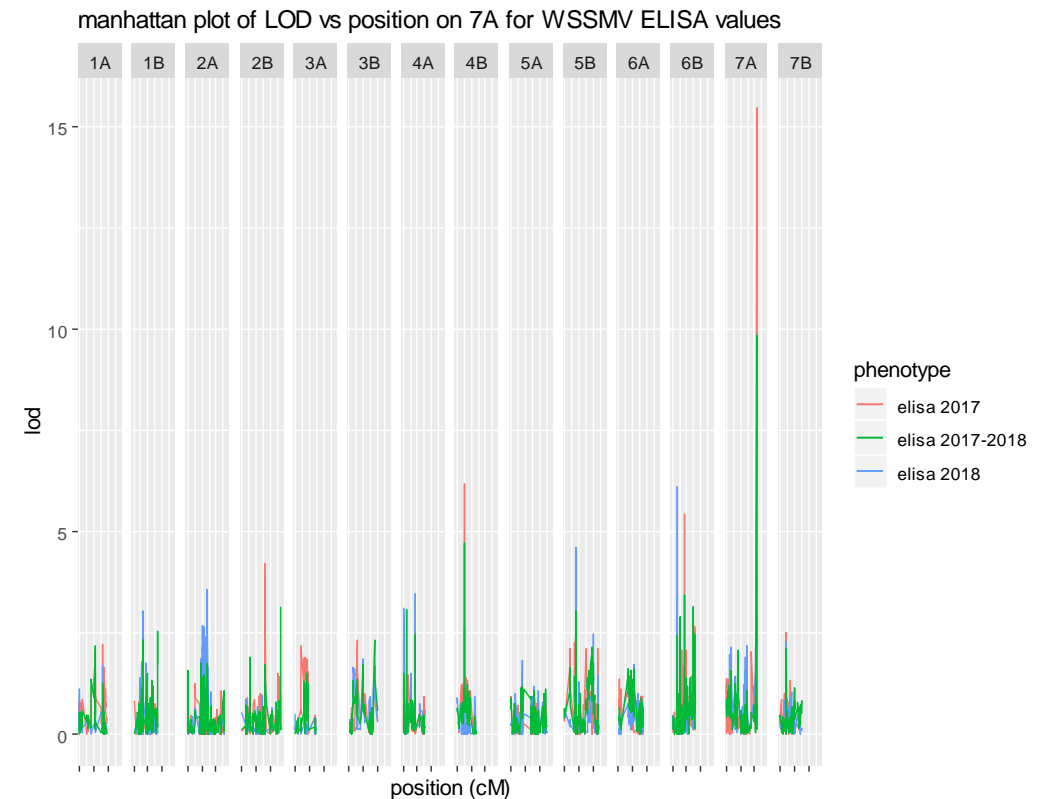
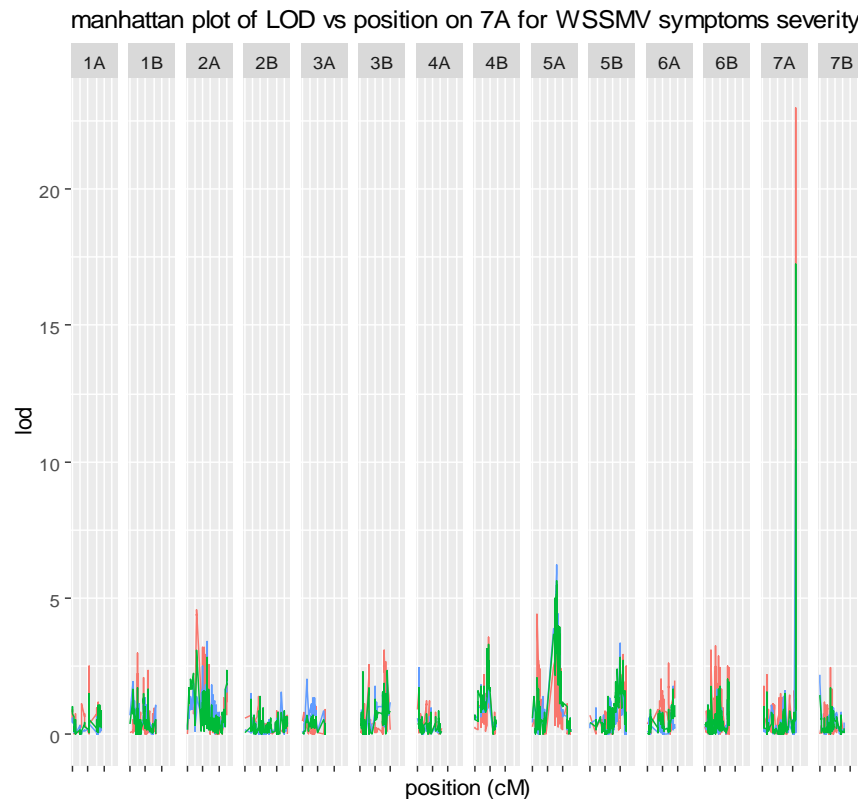
Corrélations entre ELISA et SS en 2017 et 2018 sont respectivement de 0.62 et 0.34.
Corrélation entre ELISA des 2 années = 0.36,
Corrélation entre SS des 2 années = 0.60.
Héritabilités calculées avec SPATS pour SS 2017 et SS 2018 sont respectivement de 0.84 et 0.92.



WP2 – Résistance aux virus chez Dic2 et Soldur

Résistance à WSSMV dans la population KARUR x SOLDUR

En 2017 et 2018, l'analyse QTL a mis en évidence une région impliquée dans la résistance à WSSMV, localisée sur la portion distale du long bras du chromosome 7A.



WP2 – Résistance aux virus chez Dic2 et Soldur

Résistance à WSSMV dans la population KARUR x SOLDUR

QTL majeur de résistance sur la chr 7A

Trait	Chr	LOD peak	Position (cM)	SNP Name	IC size (cM)	R2 (%)	Soldur Additive effect
Elisa 2017	7A	15.4	425.6	chr7A.361	1.1	40.4	-0.75
Elisa 17-18	7A	9.9	424.5	chr7A.288	0.4	27.1	-0.32
SS 2017	7A	23.0	425.6	chr7A.361	-	53.0	-1.22
SS 2018	7A	10.5	424.5	chr7A.288	0.4	27.8	-1.04
SS 17-18	7A	17.2	425.6	chr7A.361	0.7	43.1	-1.06

QTL mineur de résistance sur la chr 5A

Trait	Chr	LOD peak	Position (cM)	Name	IC size (cM)	R2 (%)	Soldur Additive effect
SS 2018	5A	6.19	304.3	chr5A.391	50.0	5.8	-0.48
SS 17-18	5A	5.63	311.2	chr5A.519	63.2	4.7	-0,31



WP2 – Résistance aux virus chez Dic2 et Soldur

Résistance à SBCMV en France chez Dic2 et Soldur

RILs préalablement identifiés résistants à WSSMV issus de 4 populations biparentales (54 Dic2 x Lloyd, 61 Dic2 x Silur, 26 Karur x Soldur, 17 Pescadou x Soldur)

Phénotypage à Chambon (SBCMV + WSSMV)

Infection par les 2 virus vérifiés grâce aux 2 variétés témoins Aztec et Virlor

Notations: sévérité des symptômes (0 à 5) et concentration de virus par ELISA

Génotypage par séquençage (Holz et al. 2016)

Analyse QTL grâce au package R mppR
(*Multi-Parent Population QTL Analysis*)

mppR: An R Package for QTL Analysis in Multi-parent Populations

Vincent Garin
Wageningen University

Valentin Wimmer
KWS SAAT SE

Dietrich Borchardt
KWS SAAT SE

Fred van Eeuwijk
Wageningen University

Marcos Malosetti
Wageningen University

Abstract

mppR is an add-on package for the statistical software R for QTL analyses in multi-parent populations composed of genotypes from more than one cross like NAM populations, diallels or factorial designs. **mppR** contains functions to assist the user in a range of activities of QTL analysis such as: data processing, QTL detection, visualisation of results, and estimation of QTL effects. **mppR** workflow is structured along main functions allowing to: 1) perform preliminary data quality control; 2) organize data into a single data object; 3) cluster parental lines based on ancestry; 4) perform QTL detection; 5) evaluate QTL discoveries by cross-validation; and 6) determine multi-QTL effect models. The search of QTLs can be done by 4 different models that vary with respect to the way the QTL effects are modelled (cross-specific, parental, ancestral or bi-allelic).

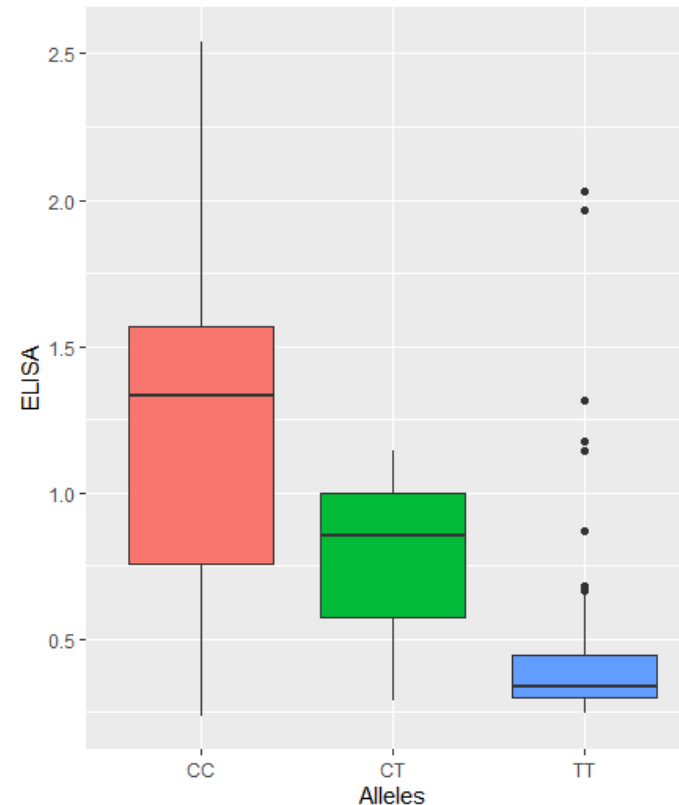
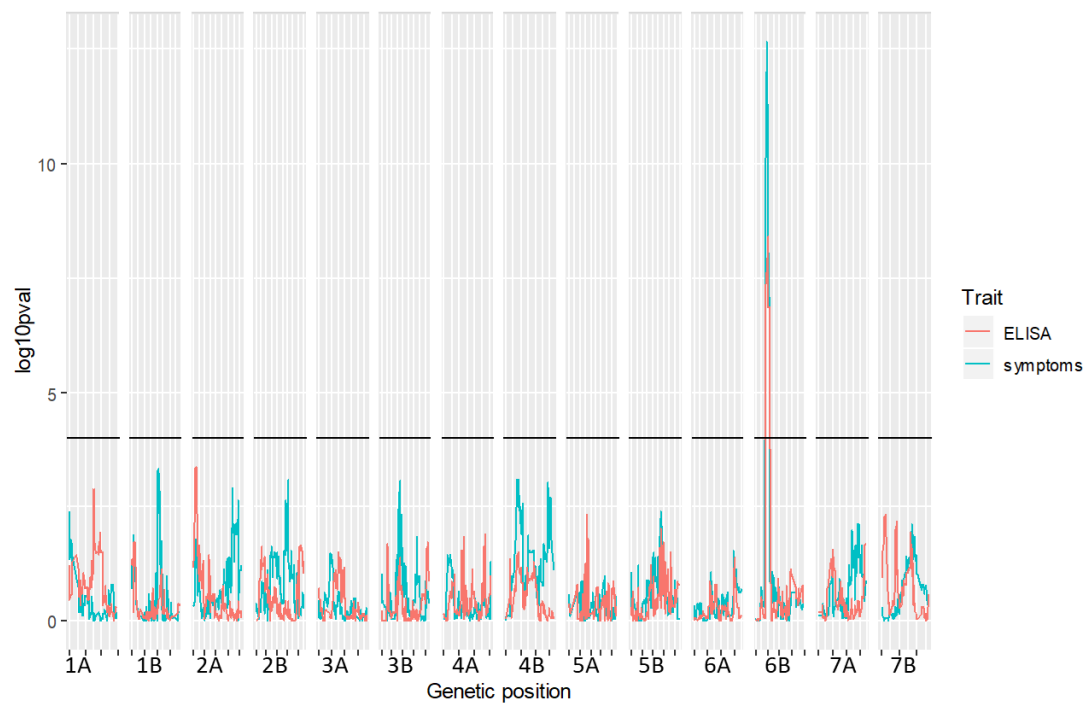
Keywords: Multi-parent populations, quantitative trait loci, mixed models, R.



WP2 – Résistance aux virus chez Dic2 et Soldur

Résistance à SBCMV en France chez Dic2 et Soldur

La détection de QTL a mis en évidence un unique mais très fort QTL de résistance à SBCMV, sur le chromosome 6B. L'allèle de résistance vient du parent Dic2. Le QTL explique entre 39% et 28% de la variation phénotypique de SS et de l'ELISA. // Aucun QTL détecté chez SOLDUR.



Effet du QTL 6B sur les scores ELISA.

T vient de Dic2, et C des parents sensibles.

WP2 – Résistance aux virus chez Dic2 et Soldur

Résistance à SBCMV en Italie chez Dic2

140 RILs issues du croisement Dic2 x Silur
Phénotypage à Bologne (SBCMV) en 2019

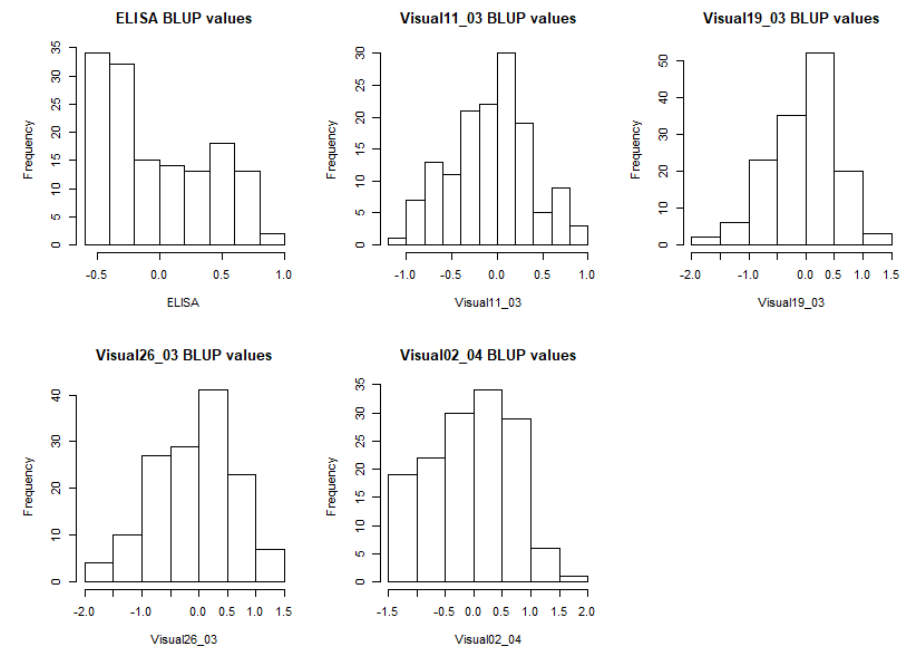
Répétition x2, variétés témoins (Claudio (S), Meridiano (R), Ciccio (S), Svevo (R), Levante (R), Simeto (S))

Notations: sévérité des symptômes (0 à 5) à 4 dates et concentration de virus par ELISA

Génotypage par séquençage (Holz et al. 2016)

Analyse QTL avec le package Rqtl

	SS 19/03	SS 26/03	SS 02/04	ELISA
SS 11/03	0.80	0.79	0.82	0.60
SS 19/03		0.91	0.90	0.52
SS 26/03			0.95	0.58
SS 02/04				0.59



Corrélation entre SS et ELISA = 57.5%



WP2 – Résistance aux virus chez Dic2 et Soldur

Résistance à SBCMV en Italie chez Dic2

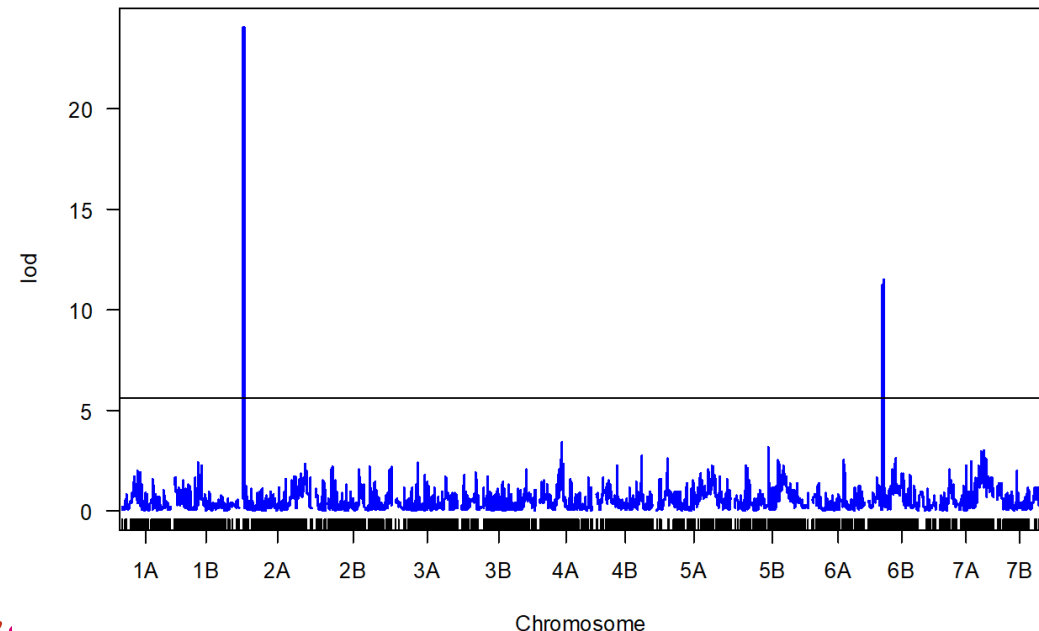
La détection de QTL a mis en évidence 2 forts QTL avec les données ELISA.

Un QTL a été détecté sur le chromosome 6B à 85.5 cM (LOD de 11.5), dans un intervalle de confiance allant de 78.8 à 88.8 cM. Il est localisé dans le même intervalle que celui détecté à Chambon.

Le plus fort QTL a été détecté sur le chromosome 2A avec un LOD de 24. Il est situé dans un intervalle allant de 13.1 à 21.6 cM. Il a été détecté pour les scores SS à toutes les dates, ainsi qu'avec les scores ELISA.

Trois autres QTL mineurs ont été détectés avec les scores visuels : un sur le chr 1A (LOD = 4.5), un sur le chr 4A à 2 dates (LOD 5.1 et 4.7), et l'un sur le chr 7A (LOD = 4.7).

CIM QTL detection for ELISA BLUP values



WP3 – Cartographie fine de *Sbm2*

RAPPEL

Le locus *Sbm2* a été identifié par Bayles et al. (2007) comme l'un des deux QTL majeurs de résistance à SBCMV dans la population de cartographie Avalon/Cadenza (avec *Sbm1*).

QSbm.ubo-2BS détecté dans le cultivar Meridiano de blé dur, identique à *Sbm2*, est situé à proximité du marqueur DArT wPt-2106 (Maccaferri et al. 2011). En se basant sur une analyse combinée de 2 populations, Meridiano x Claudio et Simeto x Levante, *Sbm2* a été plus finement localisé dans un intervalle de 2.6 cM défini par 3 marqueurs SSR (wmc661-gwm210-bar35) et wPt-2106.

FSOV MOSAIC

Génotypage avec la puce 90K Illumina a permis l'identification de 8 SNP autour de l'intervalle: KUBO13 (0 cM), KUBO27, KUBO29, KUBO3, KUBO1, KUBO40, KUNO41 et KUBO9 (11.4 cM).



WP3 – Cartographie fine de Sbm2

Environ 2000 RIL de la population Svevo (R) x Ciccio (S) ont été génotypés avec les 2 marqueurs encadrants le QTL, KUBO9 et KUBO13. Les 291 lignées recombinantes identifiées entre ces 2 marqueurs ont été phénotypées pour leur résistance à SBCMV. Cette cartographie fine a permis de localiser la résistance dans un intervalle de 0.2cM (3.2Mb) entre les marqueurs KUBO27 et KUBO1.

Markers	cM	140	3	59	1	1	2	162	65	n° of RILs
KUBO13	0	B	B	A	A	A	A	A	B	
KUBO27	3.5	B	B	B	A	A	A	A	A	
WPT-2106-2B	3.6	B	B	B	B	A	A	A	A	
KUBO29	3.6	B	B	B	B	A	A	A	A	
KUBO3	3.6	B	m	B	B	H	A	A	A	
KUBO1	3.6	B	m	B	B	m	A	A	A	
KUBO40	3.7	B	A	B	B	B	B	A	A	
KUBO41	3.7	B	A	B	B	B	B	A	A	
KUBO9	11.4	A	A	B	B	B	B	B	A	
		3.20	3.25	3.24	3.34	2.56	1.47	2.01	1.90	BLUEs

0.2
cM

A: allèle Svevo (R)
B: allèle Ciccio (S)

BLUE = moyenne de
l'ensemble des
individus possédant
l'haplotype

sensibles

résistants



WP3 – Cartographie fine de Sbm2

La population BC1F2 Meridiano x Meridiano/Claudio 110 (S), contenant 2500 lignées, a été génotypée avec les 8 marqueurs KASP et 600 lignées recombinantes entre les marqueurs KUBO9 et KUBO13 ont été sélectionnées et autofécondées en serre. Les lignées BC1F4 ont été génotypées plus finement avec la puce Axiom 420K SNP et phénotypées pour leur résistance à SBCMV en 2018 et 2019. Les recombinaisons montrent que l'intervalle de confiance peut être réduit à un intervalle de 1.5Mb entre les marqueurs KUBO63 et KUBO82.

																	h ² = 0.028	h ² = 0.49	h ² = 0.70
																	R ² = 0.3772	R ² = 0.6896	R ² = 0.868
MXMC110 ID	KUBO74	KUBO27	KUBO64	KUBO75	KUBO65	wPt-2106-2B	KUBO63	KUBO76	KUBO80	KUBO68	KUBO72	KUBO29	KUBO81	KUBO82	KUBO3	KUBO9	Blue_VS_2019	BLUE_VS_2018	BLUE_ELISA_2019
1033-2	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	B	2.32	3.50	0.38
1033-3	B	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	B	1.87	3.08	0.18
1089-1	A	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	A	A	2.82	3.67	1.28
1096-3	Undeterm	A	A	A	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	2.13	3.72	1.11
1011-4	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	B	A	B	B	1.19	3.24	0.14
1290-2	B	A	A	Undeterm	A	A	A	A	A	A	A	A	A	Undeterm	A	A	1.44	2.87	0.15
62-6	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	H	2.02	3.04	0.01
1365-1	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	1.49	2.70	0.26
2252-3	B	B	B	B	B	B	B	A	A	A	A	A	A	A	A	A	2.06	3.43	0.23
2252-4	B	B	B	B	B	B	B	A	A	A	A	A	A	A	A	A	1.79	2.38	0.44
265-5	Undeterm	B	B	Undeterm	Undeterm	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	2.55	3.71	1.27
57-1	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	A	A	2.31	3.80	0.73
75-5	B	B	B	B	Undeterm	B	Undeterm	B	B	B	B	B	B	B	B	A	1.76	3.83	1.06
920-3	Undeterm	B	B	B	B	B	B	Undeterm	B	B	B	B	B	B	B	A	2.21	3.69	1.28

A: allèle résistant
B: allèle sensible



WP3 – Cartographie fine de Sbm2

L'analyse de la séquence de référence Svevo montre la présence de **11 gènes candidats** dans cet intervalle de 1.5 Mb.

L'outil Blast Koala montre que ces gènes sont principalement impliqués dans les **interactions plante-pathogène et dans le transfert membranaire** (NBS-LRR, MAPK et membrane receptor kinase).

Liste des gènes potentiellement causaux (high-confidence) avec leur ID sur le génome de Svevo :

TRITD2Bv1G007170, TRITD2Bv1G007370,
TRITD2Bv1G007220, TRITD2Bv1G007230,
TRITD2Bv1G007240, TRITD2Bv1G007400
TRITD2Bv1G007250, TRITD2Bv1G007430
TRITD2Bv1G007260, TRITD2Bv1G007300,
TRITD2Bv1G007380



WP3 – Cartographie fine de Sbm2

Analyse du déterminisme de la résistance à SBCMV dans la population EPO

181 lignées fixées par SSD à partir d'une population de prebreeding (EPO) ont été phénotypées en 2019 à Bologne en 2 répétitions.

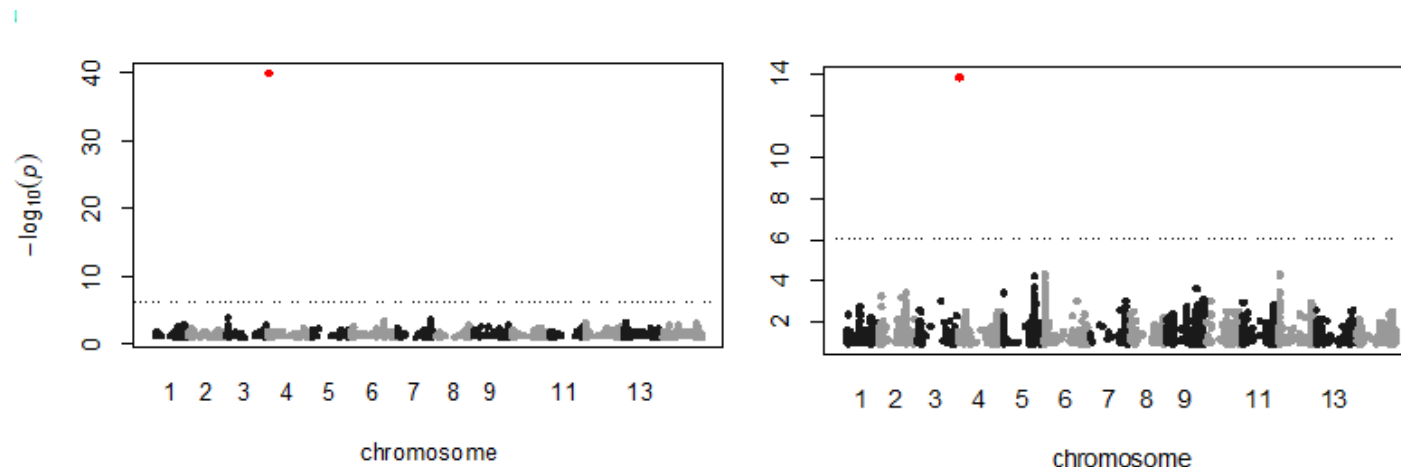
Génotypage avec la partie publique de la puce Breedwheat contenant 280K (Rimbert et al. 2018).

Analyse GWAS avec le package R *mlmm.gwas* (Segura et al. 2012)

Score visuel → AX-89390281 (chromosome 2B)

ELISA → AX-89594037, très proche du marqueur précédent

Ces marqueurs sont positionnés dans la région correspondant au QTL *QSbm.ubo-2BS*



Manhattan plots obtenus avec les mesures de la résistance à SBCMV (ELISA à gauche / SS à droite) à Bologne

Conclusions & Perspectives

- Mise en place et utilisation d'un bio essai permettant d'analyser la résistance aux différents virus de la mosaïque. Lourd à mettre en œuvre.

Possibilité de travailler directement sur *Polymyxa graminis*?

- Détection d'un QTL majeur de résistance à WSSMV chez SOLDUR sur le chromosome 7A, utilisable en sélection. A priori, différent de *Qssm-mtpsa-7A*, QTL de résistance de Dic2.

Cartographie fine en objectif du projet FSOV MOSADURUM

- Chez Dic2, détection d'un QTL majeur de résistance à SBCMV sur le chromosome 6B en France et en Italie. Un QTL majeur de résistance détecté sur le chromosome 2A, uniquement en Italie. Aucun QTL détecté chez Soldur.

La résistance de Soldur à SBCMV reste à investiguer.

Le virus SBCMV en France et en Italie semble différent. Une analyse du virome nécessaire?

- La cartographie fine du gène *Sbm2* a réduit la zone d'intérêt à 11 gènes potentiellement causaux, localisés dans un intervalle de 1.5Mb. Des marqueurs SNP sont disponibles et utilisables en sélection.

Ces résultats (*Sbm2*) vont être publiés très prochainement par l'équipe Italienne (Bruschi et al.)





ALMA MATER STUDIORUM
UNIVERSITA DI BOLOGNA

Roberto TUBEROSA, Matteo
BOZZOLI, Marco MACCAFERRI,
Martina BRUSCHI



Dragan PEROVIC, Ute
KASTIRR, Frank ORDON



Delphine HOURCADE,
Michel BONNEFOY,
Faharidine MOHAMADI



Brande WULFF



merci



Jacques DAVID, Valentin RIBAUT, Lucas
MATHIEU, Véronique VIADER



Cyrille SAINTENAC



Ruth BRYANT, Thierry
LEFEVRE



Michael COCHARD

