



Fonds de soutien à l'Obtention Végétale

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 GOUEMAND-DUGUE^{1*}, Michael COCHARD¹, Dragan PEROVIC², Ute KASTIRR², Delphine HOURCADE³, Michel BONNEFOY³, Jacques DAVID⁴, Valentin RIBAUT⁴, Lucas MATHIEU⁴, Veronique VIADER⁴, Brande WULFF⁵, Ruth BRYANT⁶, Thierry Lefevre⁶, Cyrille SAINTENAC⁷, Roberto TUBEROSA⁸, Matteo BOZZOLI⁸, Marco MACCAFERRI⁹

- 1 - FLORIMOND DESPREZ VEUVE & FILS, 59242 Cappelle-en-Pévèle, France
 2 - THE JULIUS KUHN-INSTITUT, Erwin-Baur-Str. 17 - 06484 Quedlinburg, Germany
 3 - ARVALIS - INSTITUT DU VEGETAL, 3 rue Joseph et Marie Hacquin-75116 PARIS, France
 4 - INSTITUT NATIONAL D'ETUDES SUPERIEURES AGRONOMIQUES DE MONTPELLIER, 2 place Viala - 34060 Montpellier Cedex 2, France
 5 - JOHN INNES CENTRE, Colney Lane - NR4 7UH Norwich, UK
 6 - RAGT 2n, rue Emile SINGLA, Site de Bourran - B.P. 3336, 12033 RODEZ Cedex 09, France
 7 - INRAE GDEC, UMR 1095, 5 chemin de Beaulieu 63100 Clermont-Ferrand, France
 8 - UNIVERSITA' DI BOLOGNA - DEPARTMENT OF AGRICULTURAL SCIENCES, Viale Fanin 44 - 40127 Bologna (BO), Italy
 *Coordinateur : Ellen GOUEMAND-DUGUE, ellen.gouemand@florimond-desprez.fr

Résumé: Le projet a eu pour objectif premier de mettre au point un test de résistance aux deux virus de la mosaïque (SBCMV et WSSMV) du blé dur en conditions contrôlées. Le projet a également permis d'améliorer la localisation des régions chromosomiques (QTL), des lignées de blé dur Dic2 et Soldur, impliquées dans la résistance à SBCMV et WSSMV. Enfin, le projet a identifié des marqueurs moléculaires étroitement liés au gène *Sbm2* de résistance à SBCMV par une approche de cartographie fine. Grâce à ces marqueurs moléculaires liés à la résistance aux virus, le sélectionneur pourra facilement sélectionner et produire de nouvelles variétés de blé dur plus résistantes à WSSMV et SBCMV.

Introduction: Le Virus de la Mosaïque des céréales (SBCMV) et le Virus de la Mosaïque des stries en fuseaux du blé (WSSMV) peuvent causer des pertes de rendement pouvant atteindre 50 à 70% chez les variétés les plus sensibles de blés dur et tendre en France et en Italie. Du fait de la nature persistante de ces virus dans le sol, le seul moyen pratique et économique de contrôler l'infection est l'utilisation de variétés résistantes.

L'évaluation du matériel au champ est particulièrement difficile puisque les infections ne sont pas toujours homogènes et que les symptômes provoqués par SBCMV et WSSMV au champ ne sont pas distinguables facilement. Kanyuka et al. (2004) ont démontré que les génotypes de blé peuvent être testés efficacement pour leur résistance à SBCMV en conditions contrôlées en utilisant du sol naturellement contaminé par *Polymyxa graminis*. Cette technique pourrait permettre d'améliorer la rapidité et l'efficacité de sélection de variétés de blé résistantes à SBCMV et WSSMV.

Chez le blé dur, un gène majeur de résistance à SBCMV a été localisé sur le chromosome 2B. *QSbm.ubo-2BS* détecté dans le cultivar Meridiano de blé dur, serait identique à *Sbm2* détecté chez le blé tendre. Il 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 2.6cM. Concernant la résistance à WSSMV, un QTL majeur a été détecté sur le chromosome 2D (Khan et al., 2000). Le cultivar Soldur et la lignée Dic2 sont deux nouvelles sources de résistance contre ce virus.

WP1 - Développement d'un outil phénotypique

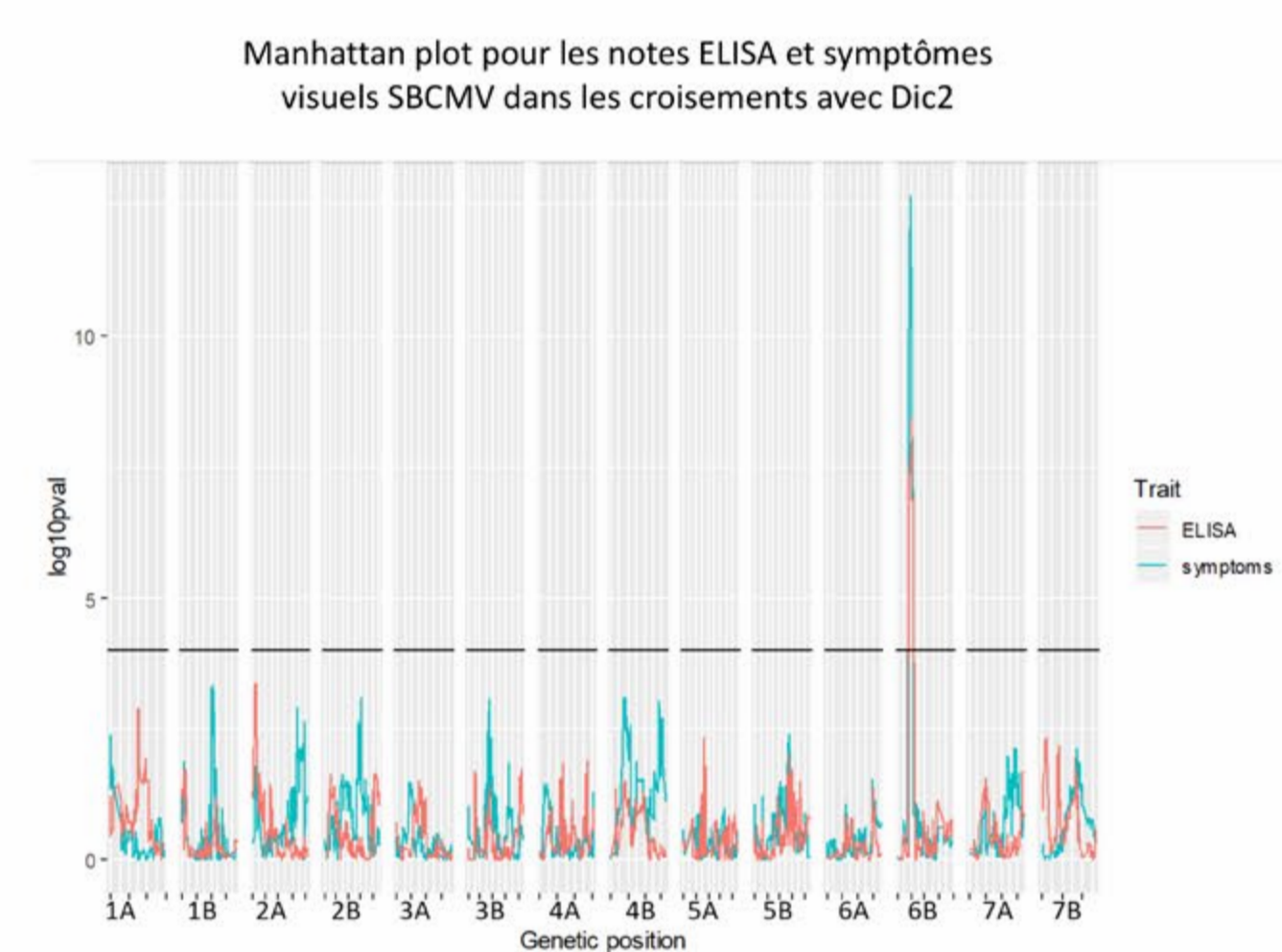
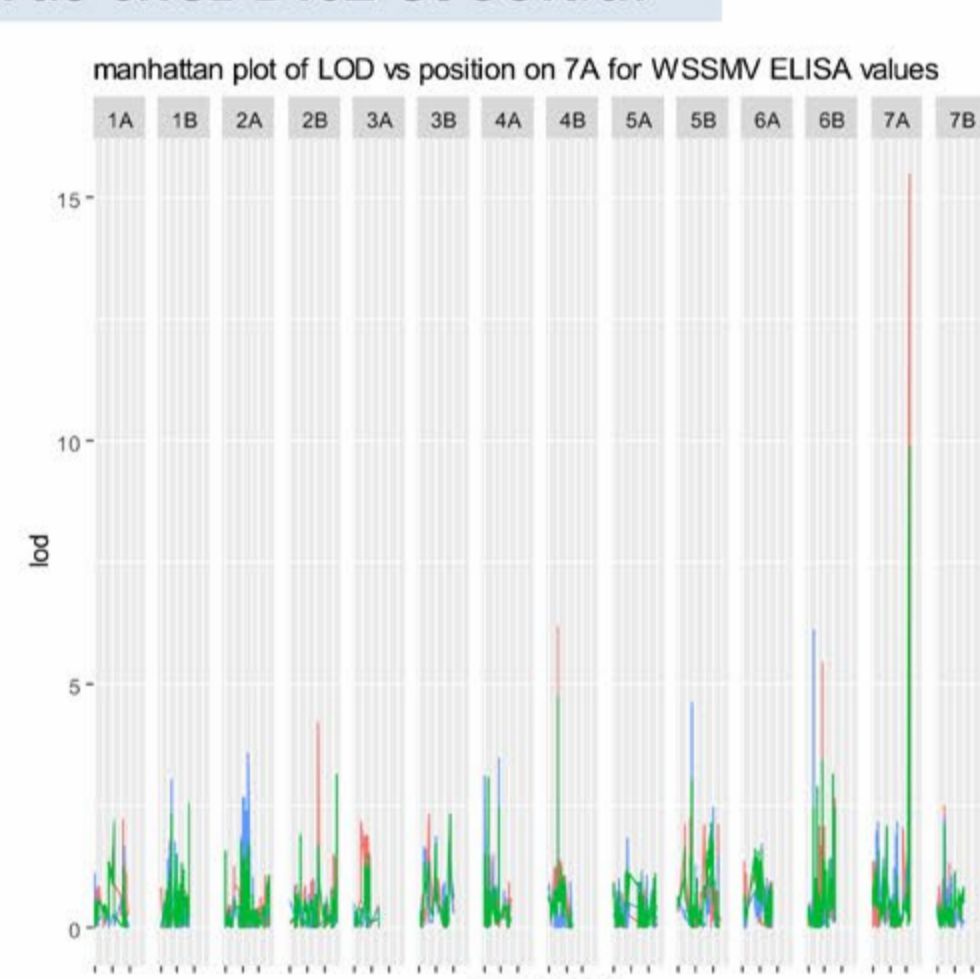
Au cours des 3 ans du projet, des sols infectés provenant de 12 champs différents ont été réceptionnés au JKI et utilisés pour des expérimentations en serre et en chambre de culture. Une collection de 28 génotypes a été construite afin de tester et de développer le nouvel outil de phénotypage en conditions contrôlées. Un panel d'*Aegilops tauschii* (150 génotypes) et de *Triticum dicoccoides* (224 génotypes) a ensuite été testé avec ce nouvel outil afin d'identifier de nouvelles sources de résistance.

Il a été conclu que l'application de fertilisant 8 semaines après les semis, combinée avec des faibles températures (12°C le jour et 10°C la nuit) et une plus longue exposition au virus (16 semaines post infection) permettent d'augmenter le taux d'infection et son efficacité. Le type et le moment du prélèvement des sols sont également décisifs dans la réussite du test. Sur le panel, 5 *T. dicoccum* / 7 *T. durum* / 6 *T. aestivum* / 23 *Aegilops* se sont montrés résistants au SBCMV. Les sols infectés par SBCMV ont une efficacité d'infection supérieure en conditions contrôlées, comparés aux sols infectés par WSSMV.



WP2 - Identification de marqueurs liés à la résistance aux virus chez Dic2 et Soldur

La population biparentale Karur x Soldur, phénotypée en 2017 et 2018, a été utilisée pour confirmer le déterminisme de la résistance à WSSMV de Soldur. Un QTL majeur de résistance à WSSMV, issu de Soldur, a été confirmé sur le chromosome 7A (r^2 allant de 27 à 53%). La résistance à SBCMV de Dic2 a été étudiée via 3 populations RIL, phénotypées sur 2 lieux (Chambon [FR] et Bologne [IT]). Deux nouveaux QTL de résistance à SBCMV ont été mis en évidence sur les chromosomes 2A [IT] et 6B [FR/IT]. Des marqueurs KASP ont été définis et testés pour suivre ces 2 QTL.



WP3 - Identification de marqueurs liés finement au gène majeur *Sbm2* dans le blé dur

QSbm.ubo-2BS=Sbm2 a été caractérisé dans 2 populations RIL, Meridiano (R) x Claudio (S) et Simeto (S) x Levante (R). L'utilisation de la puce Illumina 90K SNPs a permis l'identification de 8 SNP, convertis en KASP dans l'intervalle de confiance du QTL. 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. 600 lignées recombinantes BC1F4 Meridiano x Meridiano/Claudio 110 (S) ont permis d'affiner l'intervalle à 1.5Mb.

L'intervalle de confiance comprend 11 gènes potentiellement causaux (NBS-LRR, MAPK et membrane receptor kinase).

Une analyse RNA-seq réalisée sur 13 variétés résistantes et sensibles a permis de mettre en évidence que 9 de ces 17 gènes sont surexprimés dans les variétés résistantes et 4 sont sous-exprimés dans les variétés sensibles.

Un QTL de résistance à SBCMV a été détecté dans le panel EPO (181 lignées), phénotypé à Bologne, colocalisant avec le gène *Sbm2*. Le marqueur le plus associé est AX-89343611.

