



Fonds de soutien à l'Obtention Végétale

JNOrge : De nouvelles résistances/tolérances contre la jaunisse nanisante chez l'orge : caractérisation et impacts épidémiologiques

Isabelle Abt¹, Adeline Pinault¹, Vincent Plat¹, Marlène Souquet¹, Amélie Genty² et Emmanuel Jacquot¹

1 - PHIM, INRAE, CIRAD, Institut Agro, Univ Montpellier, Cirad TA A-54/K, Campus international de Baillarguet, 34398, Montpellier, France
2 - Secobra Recherches, Le Bois Henry, 78580 Maule, France

La jaunisse nanisante de l'orge (JNO) est l'une des maladies virales les plus graves sur céréales. En France, la JNO est principalement causée par l'espèce PAV du Barley yellow dwarf virus (BYDV-PAV, famille *Tombusviridae*, genre *Luteovirus*). Ce virus, transmis de manière persistante par pucerons (e.g. *Rhopalosiphum padi* et *Sitobion avenae*), induit des symptômes de jaunissement et de nanisme et entraîne des pertes de rendement pouvant atteindre 80 %. Depuis deux décennies, la principale méthode de lutte contre la JNO est basée sur l'utilisation d'insecticides (traitements de semences et pulvérisations foliaires). Ainsi, près de 30% des surfaces céréalières françaises ont été traitées avec des néonicotinoïdes sur la période 2014-2018. Cependant, avec la récente interdiction par l'Union européenne des néonicotinoïdes, les parcelles de céréales non traitées ne seront pas protégées contre la colonisation des pucerons et l'inoculation virale lors des stades précoces du développement de la plante jusqu'à l'application d'un éventuel traitement foliaire à base de pyréthrinolide. Il est donc important d'identifier des alternatives aux produits chimiques pour tenter de maintenir une faible prévalence de JNO en parcelles de céréales et ainsi maintenir des rendements élevés dans une agriculture progressivement dépourvue de solutions chimiques. Seize lignées d'orge portant les gènes *Ryd2* et/ou *Ryd3* ont été testées pour leur phénotype de résistance/tolérance au BYDV-PAV. Plusieurs paramètres des interactions virus-hôte, notamment le taux d'infection, la dynamique d'accumulation virale, l'âge de l'hôte à l'inoculation et la durée de la période de latence, ont été étudiés à l'aide de procédures basées sur des inoculations calibrées et la détection sérologique du virus dans les plantes inoculées. Cette étude de l'impact des gènes *Ryd2* et/ou *Ryd3* sur des paramètres clés du processus infectieux permet d'apporter des informations cruciales aux sélectionneurs pour le développement de matériels innovants dans la lutte contre la jaunisse nanisante de l'orge.

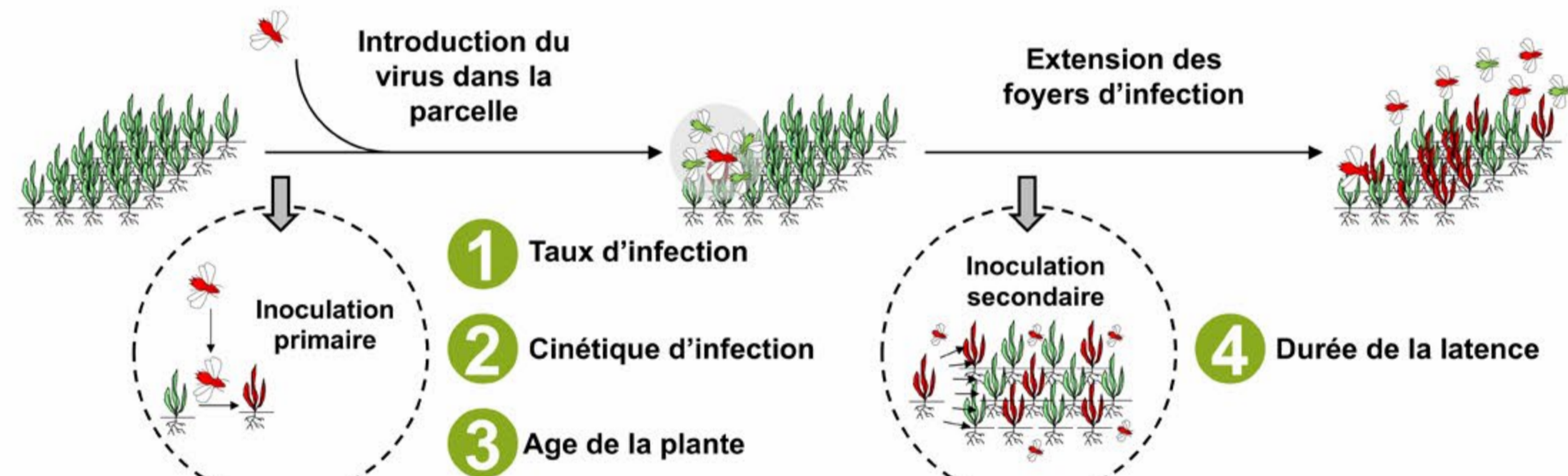


Figure 1. Représentation schématique des quatre principales actions conduites dans le cadre du projet.

16 génotypes d'orge

Témoin	<i>Ryd2</i>	<i>Ryd3</i>	<i>Ryd2/Ryd3</i>
Etincel	SC1601 W983	SC1603 D14497-7	D14498 Var 6
KWS Cassia	SC1602 FD1601	SC1604 D14497-26	W115019
	Rafaela FD1602		
	Amistar		

BYDV-PAV4 (Chain *et al.*, 2007)

Collecté en 1989 sur avoine en Ille-et-Vilaine (35), France

Rhopalosiphum padi, clone RpIA

Collecté en 2012 dans l'Yonne (89), France

1 Taux d'infection : sensibilité / résistance à l'inoculation

- À l'exception du génotype D14497-7 (*Ryd3*), les génotypes *Ryd2* et *Ryd3* testés sont significativement moins sensibles à l'inoculation par le BYDV-PAV4 que la variété sensible Etincel.
- L'analyse comparative des taux de transmission montre que les gènes *Ryd2* et *Ryd3* confèrent un niveau de résistance comparable.
- Les génotypes *Ryd2/Ryd3* présentent des taux d'infection de 5 à 20 fois plus faibles que la variété sensible Etincel et de 3 à 10 fois plus faibles que la variété Amistar (*Ryd2*).

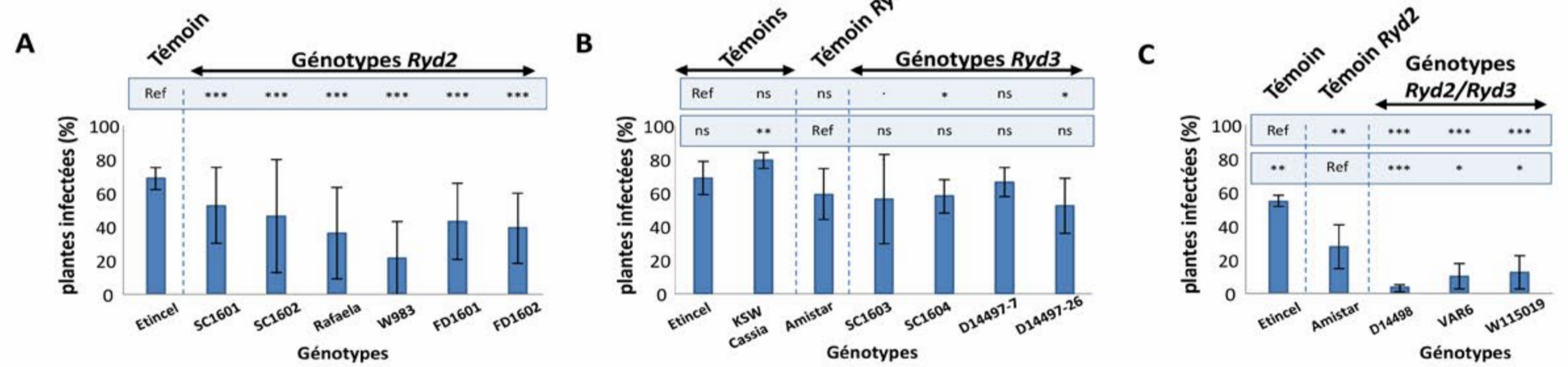


Figure 2. Taux d'infection des différents génotypes *Ryd2* (A), *Ryd2* (B) et *Ryd2/Ryd3* (C). Quatre à six séries de plantes (de 10 à 20 plantes par série) de chaque génotype ont été inoculées (2 pucerons virulifères/plante, inoculation pendant 2h). Le pourcentage moyen de plantes infectées, calculé sur la base de données sanitaires (test ELISA réalisé sur les plantes 3 semaines après inoculation), est représenté pour chaque génotype. Les barres verticales noires représentent les écarts-types associés aux données. Le génotype Etincel (sensible à la JNO) ou le génotype Amistar (*Ryd2*) sont utilisés comme témoins (Ref) pour les analyses statistiques visant à comparer le comportement de chaque génotype *Ryd* vis-à-vis de l'inoculation de l'isolat BYDV-PAV4. Les résultats des analyses statistiques réalisées à l'aide d'un modèle linéaire généralisé en comparant chaque génotype au génotype témoin (Ref) sont présentés dans les cadres bleus. ns = non significatif, * p<0,1, ** p<0,05, *** p<0,01, **** p<0,001.

2 Cinétique d'infection et accumulation virale

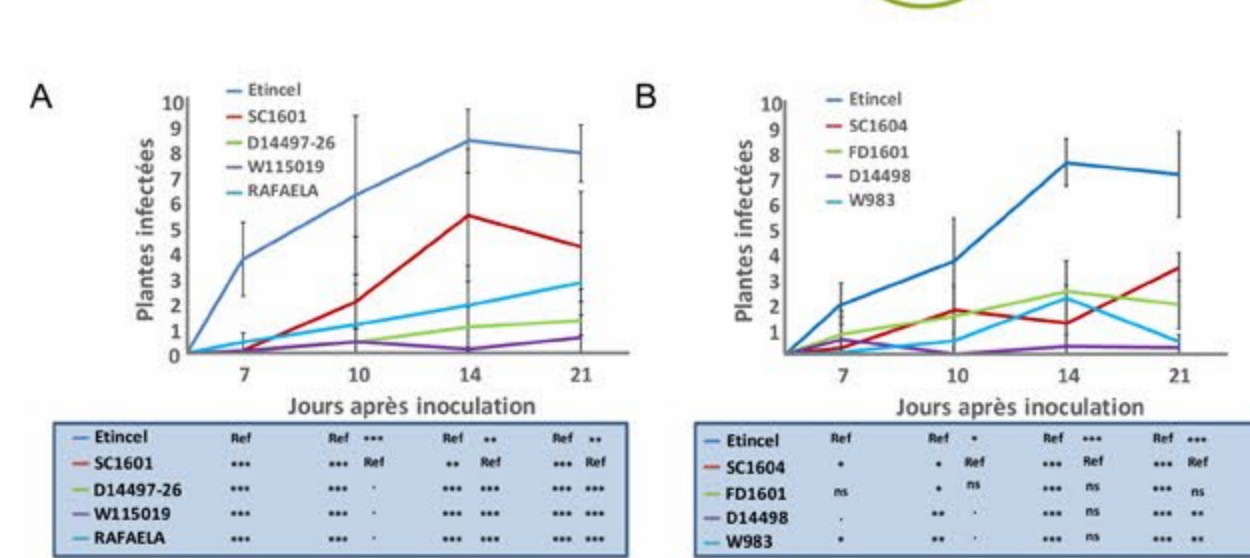


Figure 3. Dynamique d'infection des plantes et titre sous la courbe de progression du taux d'infection (AUPPC). Le nombre moyen de plantes infectées, calculé sur la base de données sanitaires (test ELISA réalisé sur les plantes 3 semaines après inoculation), pour chaque génotype à chacune des dates de prélèvement est représenté (A et B). Ces valeurs s'ajoutent sur quatre répétitions du dispositif expérimental (40 plantes/génotype, inoculation pendant 2h heures à l'aide de 2 pucerons virulifères/plante. Le valeur moyenne de l'aire sous la courbe de progression du pathogène (AUPPC) a été calculée à partir des données de chaque répétition (C et D). Les barres noires représentent les écarts-types associés à ces valeurs moyennes d'AUPPC. Le génotype Etincel est utilisé comme 'Ref' pour les analyses statistiques (cadre bleus). ns = non significatif, * p<0,1, ** p<0,05, *** p<0,01, **** p<0,001.

- Les génotypes *Ryd* (sauf FD1601 à J7) présentent un taux d'infection significativement plus faible qu'Etincel.
- Les AUPPC (taux d'infection) des génotypes *Ryd* (sauf SC1601 (*Ryd2*) et FD1601 (*Ryd2*)) sont significativement plus faibles que celle d'Etincel.
- Les génotypes *Ryd2/Ryd3* accumulent moins efficacement le virus qu'Etincel. De plus, W115019 présente une AUPCC significativement plus faible qu'Etincel (non illustré).

3 Impact de l'âge de la plante à l'inoculation

- Les génotypes *Ryd* se comportent de manière équivalente face à l'inoculation virale quel que soit leur âge à l'inoculation

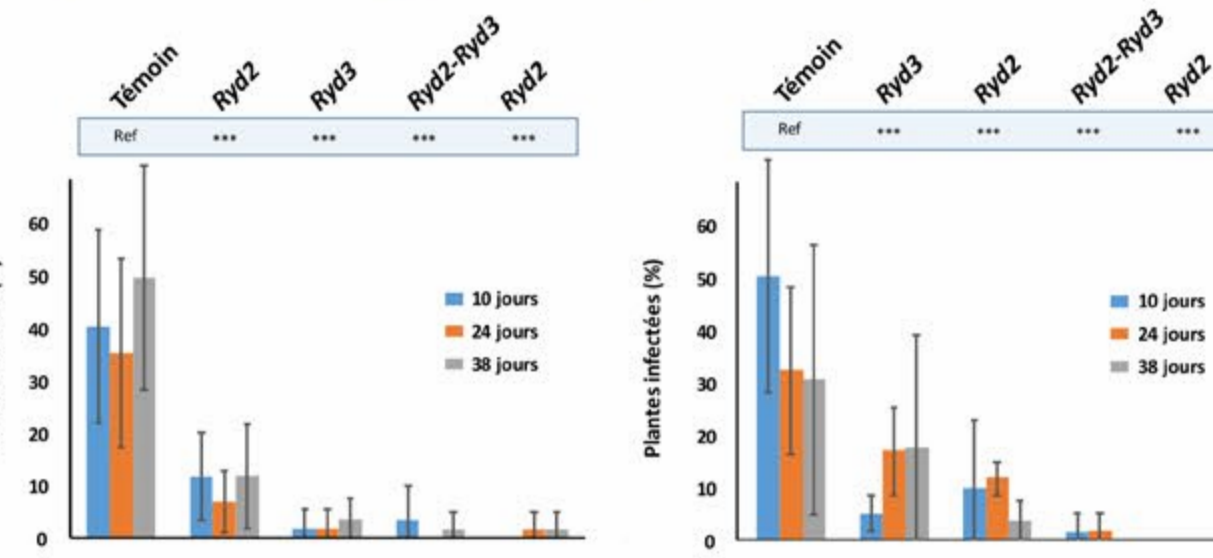


Figure 4. Taux d'infection des différents génotypes *Ryd2* (SC1601, FD1601, Rafaela et W983), *Ryd2* (D14497-26, SC1604) et *Ryd2/Ryd3* (W115019, D14498) inoculés à différentes dates après semis. Quatre séries de 15 plantes de chaque génotype ont été inoculées (2 pucerons par plante, inoculation pendant 2h). Le pourcentage moyen de plantes infectées, calculé sur la base de données sanitaires (test ELISA réalisé sur les plantes 3 semaines après inoculation), obtenu pour des plantes inoculées à 10 (bleu), 24 (orange) et 38 (gris) jours après semis est représenté pour chaque génotype. Les barres verticales noires représentent les écarts-types associés aux données. Les résultats des analyses statistiques réalisées à l'aide d'un modèle linéaire généralisé en comparant chaque génotype au génotype témoin 'Etincel' sont présentés dans les cadres bleus. **** p<0,001.

4 Durée de la période de latence : statut infectieux

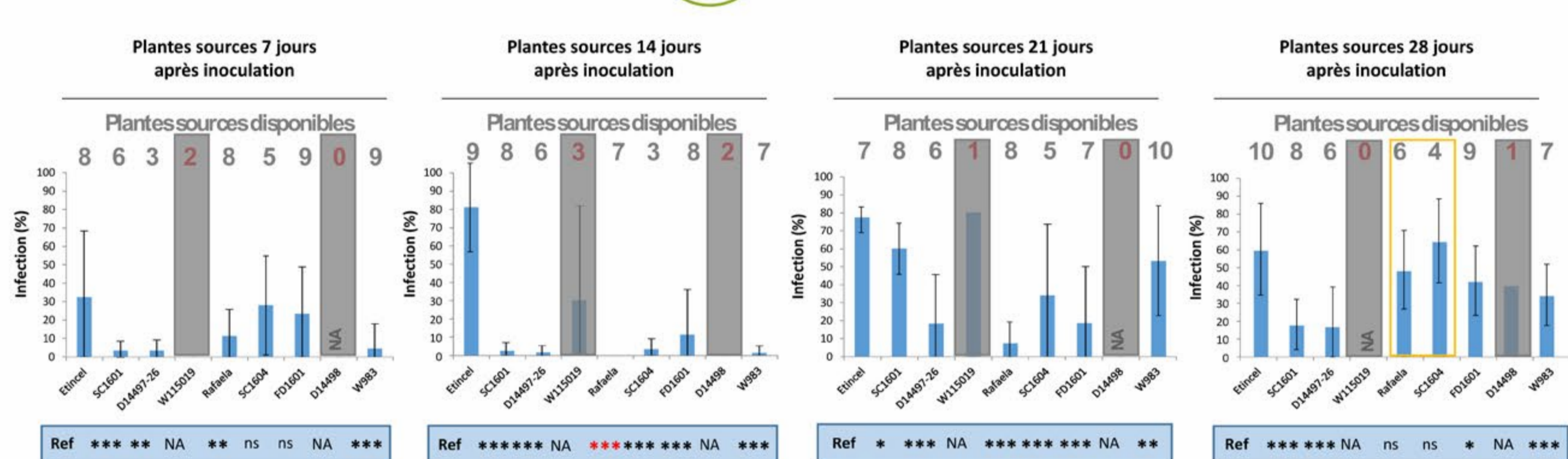


Figure 5. Latence du BYDV-PAV chez l'orge. Pour chaque génotype, 20 plantes (stade 2 feuilles) sont inoculées (2 pucerons/plante, inoculation de 72h) pour constituer des plantes « sources ». A chaque date de la cinétique (7, 14, 21 et 28 jours après inoculation), un sous-ensemble de plantes « sources » (5 plantes/génotype) est utilisé comme matériel pour une acquisition virale (*Rhopalosiphum padi* pendant 48 heures). Après acquisition, les pucerons sont transférés (2 pucerons/plante) sur des plantes « tests » cv. Etincel. Les taux de transmission, calculés sur la base de données sanitaires (test ELISA réalisé sur les plantes 3 semaines après inoculation), obtenus pour chaque date et chaque génotype sont présentés. Les barres verticales noires représentent les écarts-types associés aux données. Les résultats des analyses statistiques réalisées à l'aide d'un modèle linéaire généralisé en comparant chaque génotype au génotype témoin 'Etincel' sont présentés dans les cadres bleus. ** p<0,05, *** p<0,01, **** p<0,001, ns = non significatif.

- Le niveau de résistance élevé des génotypes *Ryd2/Ryd3* (W115019 et D14498) empêche le suivi de la sortie de latence pour ces génotypes.
- Etincel acquiert le statut infectieux avant le 14^{ème} jour de l'infection virale.
- Du 7^{ème} au 21^{ème} jour de l'infection, les génotypes *Ryd2* et *Ryd3* sont de moins bonnes sources virales qu'Etincel (sauf SC1604 et FD1601 à J7).
- Au 28^{ème} jour après inoculation, Rafaela et SC1604 sont des sources de virus de qualité équivalente à Etincel.

Conclusions et perspectives

- Les génotypes *Ryd* présentent une résistance partielle à la JNO illustrée par :
 - Une réduction du taux d'infection,
 - Un ralentissement de la dynamique d'infection virale,
 - Une augmentation la durée de latence des plantes infectées.
- Le pyramidage de *Ryd2* et *Ryd3* augmente le niveau de résistance à la JNO.
- Ces nouvelles connaissances des interactions virus-vecteur-orge (*Ryd*) vont permettre d'orienter au mieux les prochaines étapes de sélection visant à produire des orges résistantes à la JNO.
- L'étude de la durabilité des gènes *Ryd* et de leur spectre d'action vis-à-vis d'autres espèces de BYDV doit à présent être envisagée.

