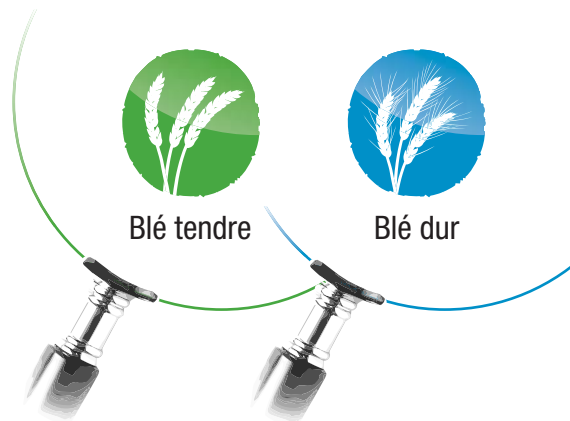


# MOSAIC

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



Date de début	Durée du programme	Budget proposé	Aides FSOV
1 <sup>er</sup> janvier 2017	36 mois (3 ans)	421 556 €	295 088 € (70 %)

**FsoV**  
FSOV 2016 C

► **Mots clefs :** Résistance aux maladies / Blés tendre et dur / Mosaïque / SBCMV / RenSeq / Sbm2 / QTL

### ► Résumé du programme :

Le virus de la mosaïque des céréales (SBCMV) et le virus de la mosaïque striée en fuseaux du blé (WSSMV) sont deux virus, présents en France, qui impactent significativement le rendement du blé tendre comme celui du blé dur. Plusieurs gènes de résistance procurant une amélioration de la résistance au SBCMV ou au WSSMV ont été identifiés pour le blé tendre mais pas dans le blé dur. Ainsi, les sélectionneurs sont actuellement relativement démunis pour sélectionner des variétés de blé dur résistantes à ces deux virus.

Ce projet vise donc à offrir plusieurs solutions au sélectionneur :

- Le projet a pour objectif principal de mettre au point un test de résistance à ces deux virus en conditions contrôlées. Une fois ce test au point, le sélectionneur pourra sélectionner son matériel de manière plus efficace car l'expression de la maladie est difficile à maîtriser au champ.
- Le projet améliorera également la localisation des régions chromosomiques (QTL) de la lignée de blé dur 'Dic2' 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 nouvelle approche de séquençage à haut débit sur des familles de gènes NBS LRR (RenSeq) ainsi que par une approche par cartographie fine. Les marqueurs du gène seront validés sur des variétés de blé dur et de blé tendre connues pour avoir *Sbm2*. 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.

### ► Perspectives de résultats ou de valorisation :

- Développement d'un outil de phénotype (PheTool) permettant l'étude de résistance à WSSMV et SBCMV chez le blé dur, sans biais "effet environnement".
- Le développement de 4000 nouveaux marqueurs SNP par stratégie de capture allélique.
- La carte génétique consensus chez le blé dur, basée sur la fusion 3 cartes génétiques du blé dur.
- Le développement de nouveaux marqueurs Kaspar liés aux QTL de résistance à WSSMV (Dic2) pour une utilisation en sélection.
- L'identification de nouveaux QTL de résistance à SBCMV dans la lignée exotique Dic2 et cv. Soldur.
- L'identification de nouveaux QTL de résistance à WSSMV dans cv. Soldur.
- La séquence d'ADN du gène de résistance à SBCMV *Sbm2*.
- L'identification de marqueurs moléculaires SNP physiquement liés à *Sbm2* en vue d'une utilisation en sélection.

Les résultats produits dans le projet seront publiés (PheTool, les marqueurs SNP liés à *Sbm2*, QTL, carte génétique), mais l'identité du gène candidat de *Sbm2* restera confidentielle, s'il n'a pas été validé, ou si un partenaire décide de le breveter.

### ► Comité de pilotage

- **Olivier ROBERT** (Coordinateur) † - FLORIMOND DESPREZ
- **Dragan PEROVIC** - JULIUS KÜHN INSTITUT
- **Roberto TUBEROSA** - UNIVERSITY OF BOLOGNA
- **Ruth BRYANT** - RAGT 2n
- **Delphine HOURCADE** - ARVALIS - Institut du Végétal
- **Jacques DAVID** - MONTPELLIER SUPAGRO
- **Brande WULFF** - JOHN INNES CENTER
- **Cyrille SAINTENAC** - INRA GDEC
- **Olivier PINAY** - FSOV

