

FsoV



Plant
Health
Institute
Montpellier



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

Amélie GENTY



La jaunisse nanisante de l'orge : contexte et enjeux

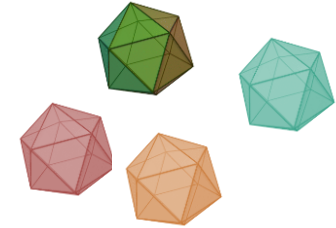
Infection virale due à un complexe d'espèces virales :
Barley/Cereal yellow dwarf virus B/CYDV

Virus transmis par différents pucerons sur plantules

2018 : Retrait des solutions de protection à base de néonicotinoïdes
protection insecticide à base de pyréthriinoïdes
=>surveillance assidue pour applications en végétation

Nuisibilité élevée sur orge : **30 q/ha**, forte variabilité

Évolutions réglementaires et sociétales,
évolutions climatiques favorables aux insectes vecteurs
→ Recherche de résistances/tolérances à la JNO



Rhopalosiphum padi



Sitobion avenae



Tolérance

Capacité à limiter
les effets de
l'infection

Résistance

Partielle ou Totale

Capacité à limiter
l'infection
Totale = pas de
charge virale
Partielle = charge
virale réduite

4 gènes d'intérêt identifiés :

- *Ryd1* : rapidement abandonné car insuffisant
- ***Ryd2*** : quasi-totalité des variétés tolérantes actuelles
- ***Ryd3*** : en test dans des lignées
- *Ryd4* : découverte récente



Objectif : caractériser les gènes de résistance / tolérance

JNOrge : Etude de *Ryd2*, *Ryd3*, *Ryd2 + Ryd3*
dans des génotypes d'orge d'hiver, 2 rangs ou 6 rangs
+ 2 témoins sensibles (ETINCEL, KWS Cassia)
+ 1 témoin tolérant JNO (AMISTAR)

Tests au champ (conditions naturelles)

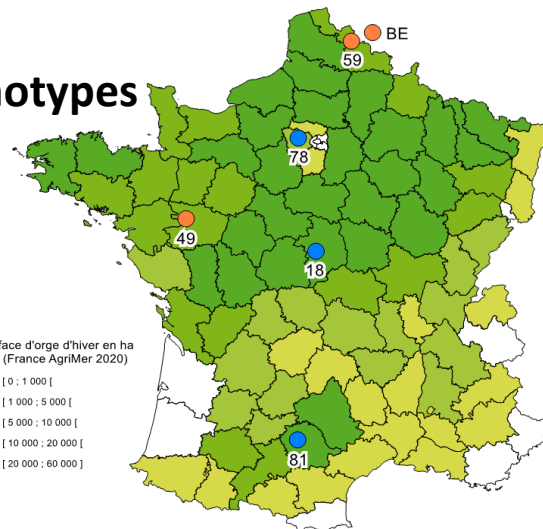
- 3 ans d'essais (2017-2019), 6 lieux /an
- Semis précoce (2-3 semaines avant pratique agricole)
- Traité et Non Traité insecticide

Tests au laboratoire INRAE : processus infectieux

- Sur plantules
- Inoculations contrôlées par application de pucerons *R. padi* porteurs d'une espèce virale BYDV-PAV
- Détections sérologiques

Evaluation comparative 16 génotypes

- Symptômes
- Perte de rendement
- Qualité de la récolte



6 lieux d'essais

Evaluation comparative 16 génotypes

- Taux d'infection
- Dynamique d'accumulation virale
- Durée de la période de latence



⇒ *Poster*



Champ : diversité et prévalence des espèces virales ?

Analyses sanitaires des plantes virosées (à la reprise de végétation) :

- Sur sites d'essais et autres parcelles
- Extraction des ARN, puis analyse RT-PCR
- Résultats qualitatifs (présence / absence)

Présence majoritaire de BYDV-PAV et BYDV-MAV

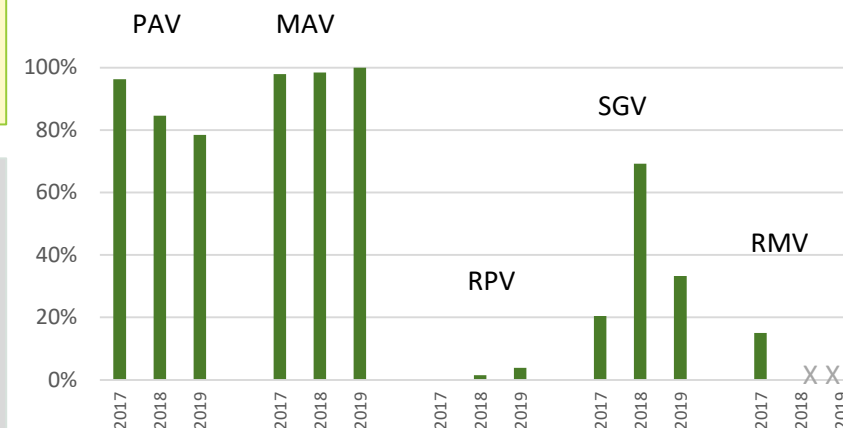
- Dans tous les sites et sur les 3 campagnes

Présence d'autres espèces virales BYDV-SGV, CYDV- RPV, CYDV-RMW

- Fréquence plus variable selon les sites et les années

Résultats d'analyses sur 1 des 6 sites

Fréquence de détection de 5 espèces virales
site 78, 3 campagnes



Mise en évidence d'un manque de spécificité des amorces « MAV » utilisées (Deb et al., 2008) vis-à-vis de PAV

=> Nécessité d'étudier le virome des céréales à paille

et d'élaborer des outils de diagnostic des virus d'intérêts agronomiques (projet CASDAR - VIROCAP)



Symptômes au champ (2017-2018-2019)

Echelle notation de 1 à 9 (printemps)

1 = aucun symptôme

9 = disparition des plantes



Champ

Complexe viral

Synthèse notations (3 ans)

		Moyenne ajustée	Ecart- type	Nbre essais
sensible	Etincel	6.4	1.5	14
sensible	KWS Cassia	4.9	1.4	14
Ryd2	Amistar	1.6	0.6	14
	Rafaëla	1.4	0.4	14
	W 983	1.5	0.5	14
	SC1601	1.8	0.6	14
	SC1602	1.7	0.4	14
	FD1601	1.8	0.6	14
	FD1602	1.9	0.4	14
Ryd3	D14497-26	1.7	0.6	8
	SC1603	2.4	0.5	12
	SC1604	2.4	0.7	12
	FD1603	2.4	0.7	5
	FD1604	2.5	0.7	5
	D14497-7	3.2	0.7	3
Ryd2 + Ryd3	SC1605	1.4	0.4	4
	D14498	1.4	0.5	8
	W115019	1.5	0.6	8

Variétés sensibles : très affectées

Génotypes avec *Ryd2*
ou
Génotypes avec *Ryd3* :
- faibles symptômes
- faibles écarts
entre les 2 gènes
- diversité pour 1 gène,
effet « fond génétique »

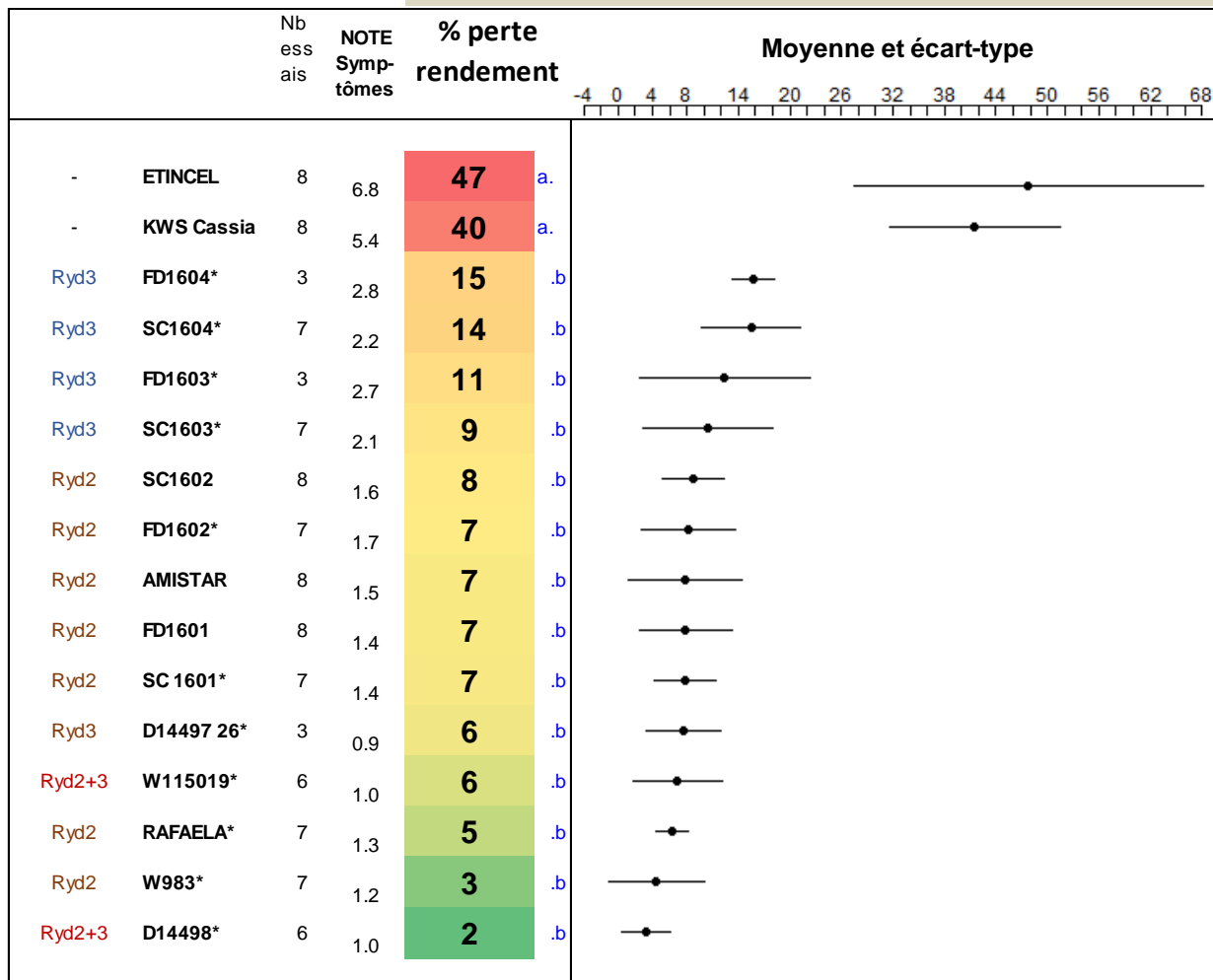
Génotypes *Ryd2+Ryd3*
- peu de symptômes
- proches de certains *Ryd2*

Les gènes étudiés réduisent fortement les symptômes de JNO



Pertes de rendement (essais 2018 et 2019)

% Perte de Rendement : Ecart Traité – Non Traité insecticide en % du rendement traité



% perte de rendement des Références (8 essais) :

ETINCEL : de 25 à 75 % => 47 %
 KWS Cassia : de 25 à 60 % => 40 %
 AMISTAR (Ryd2) : de 0 à 18 % => 7 %

**13 génotypes étudiés : % moyen de perte de 5 à 15 %
 Réduction significative / références sensibles**

- Pas d'écart significatif mis en évidence entre génotypes (variabilité importante), des tendances
- Bonne relation entre les symptômes notés et le % de perte de rendement => classements proches

Rappels :

- Semis à une même date précoce pour des lignées de précocités variables
- Certains génotypes avec un nombre inférieur d'essais

* : donnée estimée dans un ou plusieurs lieux

Longueur des barres:= 2 écarts-types.



Qualité de la récolte (essais 2018 et 2019)

Ecarts Traité – Non Traité insecticide :

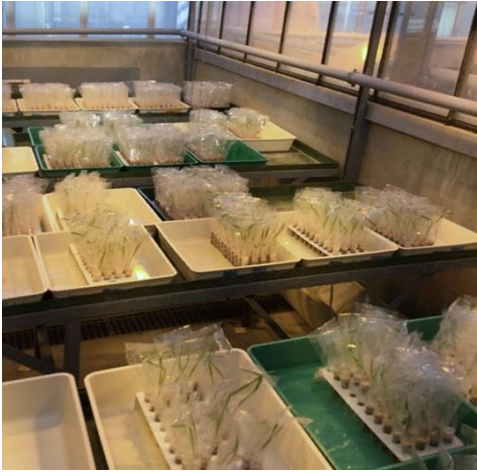
	Témoins sensibles	Génotypes avec Ryd2 et / ou Ryd3
Protéines (% MS)	↗ : Effet dilution (faibles rendements)	≈ (rendements proches)
PS	↘ 4 points (ETINCEL), ↘ 7 points (KWS Cassia)	↘ de 0 à 3 points
Calibrage (% grains > 2.5 mm)	↘ 5 % (ETINCEL), ↘ 24 % (KWS Cassia)	↘ de 1 à 9 %

=> Impacts réduits sur la qualité des grains de la récolte en présence de Ryd2 et/ou Ryd3

**Peu de différences de comportement entre génotypes avec Ryd2 et/ou Ryd3
(forte hétérogénéité)**



Laboratoire : paramètres clés du processus infectieux



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

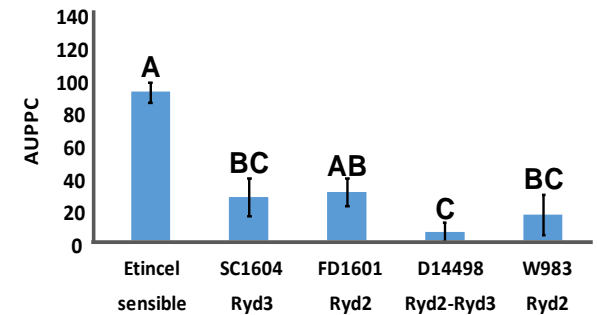
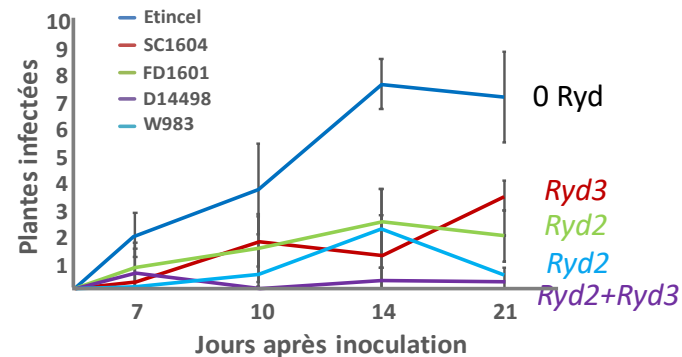
A l'exception d'un génotype *Ryd3*, les génotypes *Ryd2* ou *Ryd3* testés sont significativement moins sensibles à l'inoculation par le BYDV-PAV4 que la variété sensible Etnicel.

Les génotypes *Ryd2+Ryd3* présentent des taux d'infection plus faibles que la variété Amistar (*Ryd2*).

Cinétique d'infection et accumulation virale

Dispositif pour 5 génotypes

Résultats d'un dispositif =>



La majorité des génotypes avec *Ryd2* et/ou *Ryd3* présentent un ralentissement de la dynamique d'infection virale. Les génotypes étudiés *Ryd2+Ryd3* accumulent moins efficacement le virus qu'Etnicel.

Durée de la période de latence : statut infectieux

Du 7^{ème} au 21^{ème} jour de l'infection, la majorité des génotypes avec *Ryd2* ou *Ryd3* sont de moins bonnes sources virales qu'Etnicel (à l'exception d'un génotype *Ryd2* et d'un génotype *Ryd3*).

Labo

PAV4



Conclusions

Champ

Les génotypes étudiés avec gènes *Ryd2* ou *Ryd3* ont conféré:

- une bonne protection vis-à-vis de la JNO
- pas totale, mais bien présente : réduction des symptômes, de la perte de rendement et des conséquences sur la qualité
- Pas de différence significative entre les 2 gènes sur les génotypes étudiés, effet du fond génétique (*Ryd2*)
- Pyramidage *Ryd2* et *Ryd3*: forte protection, un niveau proche atteint avec certains génotypes à un seul gène (*Ryd2*).

Laboratoire

Les génotypes *Ryd* présentent une résistance partielle à la JNO :

- réduction du taux d'infection, ralentissement de la dynamique d'infection virale, augmentation de la durée de latence des plantes infectées.
- Le pyramidage de *Ryd2* et *Ryd3* augmente le niveau de résistance à la JNO.

→ *Deux conditions différentes mais des résultats cohérents.*



Des besoins complémentaires

- **Besoin de développer de nouveaux outils d'analyses pour identifier et quantifier les charges virales** et mesurer le spectre d'action des génotypes Ryd au champ, hors mesures indirectes (symptômes et rendements)

=> *projet de recherche VIROCAP initié fin 2021*

(subvention CASDAR, 42 mois, Arvalis et unités de recherche INRAE, 1332 BFP-Bordeaux et PHIM-Montpellier).

un des objectifs de ce projet est l'acquisition de connaissances fines et actualisées sur les virus des céréales à paille pour la mise au point d'outils d'analyse.

- **Caractériser plus finement les génotypes face à la JNO? Aujourd'hui seulement Tolérant/Sensible**
- **Vigilance sur la durabilité des gènes *Ryd* face au potentiel évolutif des virus de la JNO en cas de fortes pressions virales répétées**
- **Détecter et confirmer les effets de nouveaux gènes/QTL**





merci