

CICABO

Étude de la résistance génétique au virus des pieds chétifs chez l'orge et le blé tendre d'hiver



Blé tendre



Orge

FSOV 2020 H

- **Date de Début :** 1^{er} Octobre 2020
- **Durée du Programme :** 60 mois (5 ans)
- **Budget proposé :** 719 850,00 €
- **Aides FSOV :** 503 729,00 € (70%)

- **MOTS CLEFS :** blé tendre / orge d'hiver / Wheat Dwarf virus / virus du pieds chétif / cicadelles / introgressions / QTL / blés synthétiques

● RÉSUMÉ DU PROGRAMME

Le virus des pieds chétifs (*wheat dwarf virus, WDV*), transmis par la cicadelle (*Psammotettix alienus*) peut entraîner des pertes de rendement importantes sur les céréales à paille, en particulier l'orge et le blé tendre. Du fait de l'interdiction des néonicotinoïdes en 2018, les symptômes de WDV sont plus fréquents en France, en particulier, dans le centre et le nord-est. Le seul moyen de lutte actuel est l'utilisation d'insecticides. Cependant, leur efficacité est réduite par la volatilité des cicadelles. Il n'y a pas pour le moment de variété de blé ou d'orge inscrites au catalogue, déclarée résistante ou tolérante à ce virus. Quelques sources de résistance partielle ont été identifiées chez le blé tendre et l'orge, et récemment chez l'orge, quelques sources de résistance totale (*pas encore publié*). En France, le réseau d'observation d'insectes et de surveillance virale « Vigie Virose » permet d'identifier de bons lieux pour l'infestation de WDV. Le Julius Kühn Institute (*JKI*) a développé une grande expertise dans le phénotypage de la résistance au WDV en conditions contrôlées, déjà utilisée par plusieurs programmes collaboratifs en Allemagne.

Nous proposons dans ce projet :

1. Sur le blé tendre, le phénotypage au champ et en serre d'une collection de 300 accessions, composée de blés tendres originaires du Sud-Est de l'Europe (*région où quelques accessions tolérantes ont déjà été identifiées*), de blés synthétiques (*blé dur x Aegilops tauschii*), et de lignées d'introgression réalisées à partir de plusieurs espèces sauvages apparentées au blé. Tout ou partie de cette collection sera génotypée avec une puce à haute densité, dans le but d'identifier des QTLs (*Quantitative Trait Loci*) de résistance par génétique d'association. Si une ou plusieurs accessions montrent une résistance totale au WDV, les partenaires créeront des populations bi-parentales qui pourraient être utilisées pour cartographier les facteurs de résistance après la troisième année, pendant deux années supplémentaires.
2. Sur l'orge d'hiver, un travail de cartographie fine de QTL de tolérance au WDV déjà connus sera mené, dans le but de développer des marqueurs moléculaires très proches des

gènes incriminés, directement utilisables par les sélectionneurs. Comme pour le blé, le phénotypage sera réalisé en serre et au champ. Après la troisième année, nous proposons l'étude d'une population de cartographie qui sera créée à partir de sources de résistance totale au WDV identifiées récemment.

Le phénotypage au champ sera réalisé en France en conditions naturelles d'infestation par les semenciers partenaires du projet, sur des sites choisis à partir des données du réseau « Vigie Virose » afin de maximiser les chances de succès. Le phénotypage en conditions contrôlées d'infestation sera réalisé par le JKI. La synergie entre les deux espèces donnera une forte valeur ajoutée à ce projet.

● PERSPECTIVES DE RÉSULTATS OU DE VALORISATION

The outputs and deliverables of this project will be:

During the first three years of project:

1. WDV tolerant and resistant wheat accessions to be used as crossing parents in breeding programs to develop WDV tolerant wheat cultivars
2. Novel tolerance and/or resistance accessions coming from introgression lines and/or primary synthetics
3. WDV tolerance and resistance QTL identified in wheat by flanking markers (*from GWAS*)
4. Markers close to POST WDV tolerance QTLs ready for implementation in industry partners breeding programs

If project prolonged for two more years:

1. WDV resistance QTLs (*from WDVWP line*) identified in wheat by flanking markers (*from Bi parental population*)
2. WDV resistance QTLs (*from VIRTOGE resistant source*) identified in barley by flanking markers (*from bi parental population*)

There will be no restrictions on these results for publication in scientific journals. The marker sequences will be handed over to the breeding programs.

● COMITÉ DE PILOTAGE

- Monsieur Yann MANES (*Syngenta France SAS*)
- Docteur Torsten WILL (*Julius Kühn-Institut*)
- Madame Delphine TAILLIEU (*Florimond Desprez Veuve et Fils*)
- Monsieur Jérémy DERORY (*Limagrain Europe*)

- Monsieur Gabriel BEUDIN (*RAGT 2n*)
- Monsieur Guillaume ROULLET (*UNISIGMA*)
- Monsieur Julien CONSTANT (*SEMAE*)