

# DéLiBÉRÉ-JNO : Développement de Lignées de Blé adaptées et Résistantes à la Jaunisse Nanisante (JNO)

Edouard PENEZ<sup>1\*</sup>, Philippe MOMONT<sup>1</sup>, Charles SNIJDERS<sup>1</sup>, Anne-Charlotte LOMBART<sup>1</sup>, Pascal GIRAudeau<sup>1</sup>, Romain LAMERAND<sup>1</sup>, Gemma MOLERO<sup>1</sup>, Patricia SENELLART<sup>1</sup>, Sylvie DUTRIEUX<sup>1</sup>, Matthieu MICHEL<sup>1</sup>, Raphael VEUQUAUD<sup>1</sup>, Paul FORGEOIS<sup>2</sup>, Charlotte THIBAUT<sup>2</sup>, Torsten WILL<sup>3</sup>, Pierre SOURDILLE<sup>4</sup>

1 - CETAC - 7, rue du Coq HERON, 75030 Paris

2 - INSTITUT DE GENECH - rue de la libération, 59242 Genech

3 - JULIUS-KÜHN-INSTITUT - Erwin Baur Strasse 27, 06484 Quedlinburg, ALLEMAGNE

4 - INRAE - UMR 1095 Génétique, Diversité et Ecophysiologie des Céréales, 63100 Clermont-Ferrand

\*Coordinateur : Edouard PENEZ, edouard.penez@asur-plantbreeding.com

## Résumé

L'objectif global du projet DéLiBÉRÉ-JNO était de développer des lignées de blé proches d'un matériel élite d'hiver employé dans les schémas de sélection Européens mais portant des introgressions issues d'espèces apparentées leur conférant un niveau de résistance à la JNO satisfaisant. Le projet repose sur la création et la caractérisation moléculaire et phénotypique d'une population de lignées recombinantes issues du croisement entre une variété proche de l'élite européenne (Cadenza) et mutée pour le gène *ph1*, et différentes variétés exotiques apportant une bonne tolérance à la JNO de par leurs introgressions issues de *Thinopyrum intermedium* et *Agropyron cristatum*, mais adaptées aux pratiques culturales européennes. Le projet DéLiBÉRÉ-JNO a permis de produire une collection relativement étendue de génotypes d'intérêt pour l'introduction de nouvelles sources de tolérance à la JNO dans les programmes de sélection développés en France et en Europe.

## Introduction

La jaunisse nanisante de l'orge (JNO) est la plus grave maladie virale des céréales à paille. Causée par des virus (Barley yellow dwarf virus, BYDV) transmis exclusivement par pucerons (*Rhopalosiphum padi* et *Sitobion avenae* Fig.1), elle impacte fortement la production sans possibilité de lutter directement contre les virus. Par ailleurs, les recommandations du plan Ecophyto II (réduction de l'utilisation des pesticides) et l'interdiction des Néonicotinoïdes sur céréales à compter de l'automne 2018 imposent aux différents acteurs de la filière (de l'agriculteur à l'obteneur) la recherche de nouvelles solutions pour garantir la qualité sanitaire des cultures. De plus, le changement climatique induit également des hivers plus doux et des périodes de froid plus tardives qui se traduisent par une recrudescence des maladies virales. Cette virose impacte fortement la production céréalière et entraîne des pertes de rendements en moyenne de 30% dans les champs infectés qui peuvent, lors de fortes épidémies (campagne 2015-2016), atteindre plus de 80%.

Le développement de variétés résistantes/tolérantes à la JNO représente donc une priorité. L'introgression d'une résistance partielle à la JNO chez le blé à partir d'espèces apparentées s'accompagne de l'introduction de caractères délétères apportés par des allèles liés aux gènes d'intérêt (*linkage drag*). L'enjeu des programmes d'amélioration du blé pour la résistance à la JNO est donc de limiter la taille des introgressions de génomes d'espèces sauvages pour s'affranchir des conséquences du *linkage drag*.



Figure 1 : *Rhopalosiphum padi* et *Sitobion avenae*, vecteurs de la JNO.



Figure 2 : expérimentation JNO blé 2019/2020 à Aiguay (60)

**WP1 : Caractérisation par phénotypage en conditions aux champs et en conditions contrôlées des ressources génétiques :**

En 2020, 109 accessions ont été évaluées aux champs avec un très bon niveau d'infection comme le montre la Figure 2, avec au centre de l'image, les ressources génétiques en évaluation, entourées d'orge présentant des symptômes caractéristiques de la JNO.

Le Tableau 1 représente une partie des résultats obtenus sur 3 lieux d'expérimentation. Toute la gamme de résistance (1 à 9) a été observée avec un faible écart type entre les mesures. Pour consolider nos résultats, un panel de 6 variétés sensibles et de 6 variétés résistantes a été envoyé au JKI (Figure 3).

A partir de ces résultats, nous avons identifié les ressources génétiques (en gras dans le Tableau 1) à utiliser comme lignées parentales dans notre programme de croisements.

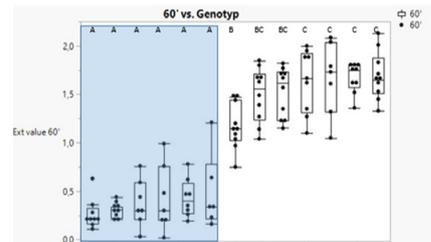


Figure 3: Représentation graphique du titre de virus après 7 jours d'inoculation en conditions contrôlées des 2 groupes des accessions. A gauche du graphique sur fond bleu, les accessions tolérantes et à droite les sensibles.

**WP2 : Développer du matériel végétal original résistant à la JNO avec des introgressions de taille réduite en s'appuyant sur l'utilisation de lignées de blé ayant une aptitude à la recombinaison homologue :** Pour le développement des populations, les croisements font intervenir deux lignées dérivées de la variété Cadenza mutée par Éthyle-Méthane-Sulfonate (EMS) au niveau du gène *ph1*: Cadenza-0348 et Cadenza-1691 avec cinq lignées connues comme ayant un bon niveau de résistance à la JNO : Glover (*BYDV2*), Mackellar (*BYDV2*), P29 (*BYDV3*), P961341 (*BYDV3*), Zhong-4 (*BYDV4*). Par la suite, les individus hybrides ont été rétrocroisés par les individus Cadenza correspondant (génération BC1F1). Après, un tri moléculaire pour isoler les individus homozygotes mutants *ph1* et hétérozygotes au niveau des introgressions, ceux-ci ont été autofécondés pour générer une population en ségrégation (BC1F2). Les individus ont ensuite été conduits par autofécondations successives (*Single Seed Descent*) jusqu'en génération BC1F5.

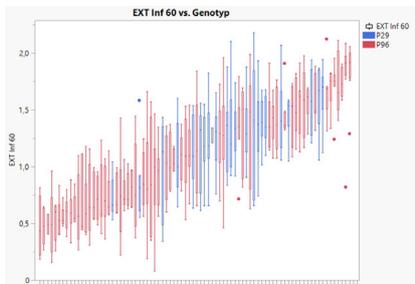


Figure 4 : Résultats obtenus après test ELISA, EXT Inf 60 : valeur de résistance (plus la valeur est proche de 0, plus la lignée est résistante) sur 80 individus recombinants BC1F5 issus de 2 sources P29 (en bleu) et P961341 (en rouge)

| Génotype      | Score 1 | Écartype 1 | Score 2 | Écartype 2 |
|---------------|---------|------------|---------|------------|
| AUS 11955     | 1,5     | 0,9        | 1,2     | 0,3        |
| CR 147231b    | 1,8     | 0,4        | 2,0     | 0,7        |
| ZHONG 4       | 1,0     | 0,0        | 2,0     | 0,0        |
| CR 147251b    | 2,8     | 1,1        | 2,5     | 1,4        |
| CR 147236a    | 2,3     | 1,2        | 2,7     | 1,5        |
| CR 147242b    | 1,6     | 0,8        | 2,7     | 1,5        |
| OK72194Z      | 2,3     | 1,2        | 3,0     | 1,7        |
| AUS 6770      | 2,7     | 0,3        | 3,2     | 0,6        |
| CR 147289b    | 1,7     | 1,2        | 3,2     | 2,0        |
| CR 147241a    | 1,7     | 1,2        | 3,3     | 2,1        |
| CR 147280b    | 2,3     | 1,5        | 3,5     | 2,5        |
| CR 147232 a,b | 2,2     | 0,8        | 3,7     | 2,0        |
| CR 147288b    | 2,3     | 1,5        | 3,7     | 2,3        |
| CR 147231b    | 2,3     | 1,5        | 3,8     | 3,3        |
| CR 147234b    | 1,7     | 0,6        | 3,8     | 2,5        |
| CR 147293a    | 3,2     | 2,0        | 4,5     | 3,1        |
| AABBVV        | 4,0     | 3,5        | 4,7     | 3,8        |
| CR 147247b    | 4,7     | 0,6        | 5,3     | 0,3        |
| P29           | 3,2     | 1,6        | 5,3     | 2,4        |
| P961341       | 6,3     | 2,5        | 7,2     | 3,2        |
| GLOVER        | 6,0     | 2,8        | 7,5     | 2,1        |
| MACKELLAR     | 5,5     | 0,7        | 6,0     | 1,4        |
| Telca 50      | 8,2     | 0,8        | 8,7     | 0,6        |
| Tfao Yuan 2   | 8,2     | 1,0        | 8,7     | 0,6        |
| FAO 35316     | 8,8     | 0,4        | 8,8     | 0,4        |
| I BO 1928     | 8,5     | 0,9        | 8,8     | 0,3        |

Tableau 1 : Résultats obtenus après observations aux champs sur les lignées parentales (en gras) et sur les meilleures ressources génétiques testées par le CETAC - Moyennes sur 3 lieux - année 2019/20 (1 = tolérant / 9 = sensible)

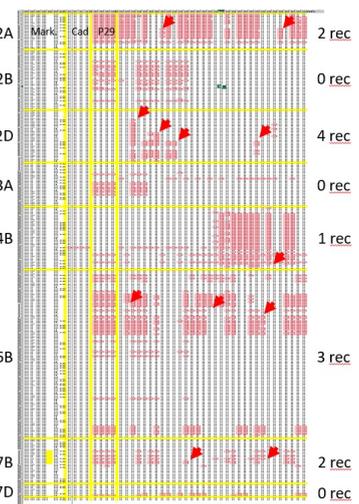


Figure 5 : Analyse des individus issus du croisement entre Cadenza muté pour *ph1* et P29 (BC1F5). Chaque ligne représente un marqueur SNP (colonne 1). Les marqueurs sont ordonnés selon leur position le long des chromosomes depuis le télomère du bras court en haut, jusqu'au télomère du bras long en bas. Cad : génotype de Cadenza (colonne 2). P29 : génotype de P29 (colonne 3). Descendants : génotype des descendants (colonne 4). Les génotypes marqués en rouge (OTV) correspondent aux introgressions.

**WP3 : Caractérisation phénotypique (inoculations calibrées au laboratoire et champs) et moléculaire (taille et position des introgressions, marqueurs diagnostics) du matériel créé.**

A partir des 975 plantes BC1F5 développées, 80 individus recombinants ont été sélectionnés par rapport à leur profil génétique. Ils ont été ensuite phénotypés pour leur tolérance à la JNO en conditions contrôlées : 21 issus de la population Cadenza x P29 et 59 issus de la population Cadenza x P961341. La Figure 4 reprend les résultats obtenus en conditions contrôlées, des 80 individus recombinants issus de 2 sources (P29 et P961341).

Concernant le phénotypage aux champs, malheureusement l'année 2023 ne nous a pas permis d'évaluer les individus (975 BC1F5) avec autant de fiabilité qu'en 2020. Le taux d'infection n'a pas été aussi élevé et seuls deux lieux sur six ont pu permettre de dégager une tendance de tolérance. L'analyse des descendants issus des deux populations P29 (Figure 5) montre que 11 plantes sur les 32 recombinants dans les fragments introgressés de la lignée P29 (représentés en rouge sur la Figure 5), les recombinants sont identifiés par des flèches rouges également). Les fragments localisés sur les chromosomes 2B, 3A et 7D ne recombinent jamais.

## Conclusion

L'objectif du projet était de développer des génotypes adaptés aux pratiques culturales européennes et tolérants au virus de la jaunisse nanisante de l'orge (BYDV) à partir de nouvelles ressources génétiques exotiques (P29, P961341, Mackellar, Glover, Zhong-4), en utilisant une approche originale faisant intervenir des mutants du gène *ph1* impliqué dans le contrôle de la recombinaison entre chromosomes apparentés (homéologues). De ce point de vue, nous avons montré qu'il était possible de réduire par cette voie la taille des introgressions en produisant plusieurs dizaines de lignées ayant des fragments plus courts que ceux initialement présents chez les parents donneurs exotiques. La stratégie est donc tout à fait adaptée pour produire un matériel original à partir de ressources génétiques apparentées au blé.