

RESPIR

Résistance à la JNO chez l'orge et le blé tendre : phénotypage et identification de facteurs de résistance quantitative



- **Date de début** : 01/09/2023
- **Durée du Programme** : 36 mois
- **Budget proposé** : 383 035,00 € HT
- **Aides FSOV** : 268 125,00 € HT (70 %)

- **MOTS CLEFS** : Interactions hôte × virus / orge (*Hordeum vulgare*) / blé tendre (*Triticum aestivum*) / virologie / génétique quantitative / phénotypage haut-débit / Jaunisse Nanisante de l'Orge (JNO) / gènes Ryd / résistance quantitative

RÉSUMÉ DU PROGRAMME

La jaunisse nanisante de l'orge (JNO) est causée par un virus transmis à l'automne par des pucerons à différentes céréales, blé et orge notamment. Les symptômes se caractérisent, entre autres, par un jaunissement des feuilles, une réduction de la hauteur des plantes et conduisent à une diminution significative du rendement en grains. L'interdiction récente des traitements de semences à base de néonicotinoïdes a réduit les possibilités de contrôle des populations de pucerons vecteurs de la JNO. Dans ce contexte, le développement de variétés résistantes à la JNO a bénéficié d'un regain d'intérêt chez les sélectionneurs.

Chez l'orge, la résistance variétale provient de différentes sources en particulier les gènes Ryd2, Ryd3 et plus récemment Ryd4. L'impact de Ryd2 et Ryd3 a déjà fait l'objet de travaux antérieurs notamment du point de vue de la dynamique de l'infection et de la multiplication virale. En revanche, l'impact du gène Ryd4 et les mécanismes de résistance qu'il apporte sont encore mal connus. Ces gènes majeurs de résistance constituent une ressource particulièrement précieuse pour le développement de nouvelles stratégies de lutte contre la JNO. En effet, ils sont peu présents dans le pool génétique primaire de ces espèces et peuvent faire l'objet de contournements rapides par les populations virales. Des études antérieures ont permis de montrer qu'il existe de la variabilité génétique pour la résistance à la JNO parmi les variétés non porteuses de gènes de résistance que ce soit chez le blé ou chez l'orge. Ceci indique la présence de facteurs génétiques de résistance quantitative qui pourraient contribuer à la résistance en tant que telle mais aussi à la durabilité des gènes majeurs. Néanmoins, ces facteurs de résistance quantitative n'ont pas encore été identifiés. Enfin, l'évaluation du matériel génétique est actuellement assurée à l'aide de notations visuelles. Cette notation reste subjective, requiert du temps de main d'oeuvre et est parfois rendue difficile notamment chez le blé du fait de symptômes moins marqués que chez l'orge.

Ce projet vise à fournir un ensemble de connaissances et d'outils pour faciliter la création de variétés d'orge et de blé résistantes à la JNO. Il sera articulé autour de trois axes de recherche avec pour objectifs :

- D'étudier l'effet du gène Ryd4 sur les mécanismes d'infection et de multiplication virale.

- D'identifier des facteurs de résistance quantitative chez l'orge et le blé tendre.
- De mettre au point un protocole de phénotypage par capteurs numériques de la sensibilité à la JNO.

PERSPECTIVES DE RÉSULTATS OU DE VALORISATION

Les livrables du projet couvrent l'ensemble des objectifs expérimentaux, analytiques et de diffusion scientifique. Dans le cadre de l'évaluation des lignées Ryd4, la description du niveau de sensibilité des lignées permettra de caractériser l'effet de Ryd4 sur l'interaction avec les pucerons vecteurs et d'évaluer la durabilité des lignées résistantes sous pression virale élevée.

Pour la caractérisation de la sensibilité à la jaunisse nanisante de l'orge (JNO), 200 accessions d'orge et 200 accessions de blé tendre seront évaluées, avec un suivi détaillé du processus d'infection pour quelques lignées d'intérêt. Les données génétiques associées seront exploitées pour identifier les QTL liés à la tolérance à la JNO, développer des marqueurs KASPr flanquants pour cinq QTL d'intérêt par espèce, et élaborer des modèles de prédiction génomique applicables à la sélection variétale.

Les outils phénotypiques innovants comprennent un protocole standardisé pour l'acquisition d'images, la constitution d'une base d'images annotées, ainsi que le développement d'algorithmes de classification des patchs et de fichiers de résultats de notations consolidés à partir des différentes expérimentations.

Les résultats seront valorisés à travers des communications dans la presse technique agricole (Perspectives agricoles, Phytoma). En fonction des résultats obtenus, les résultats pourront être présentés dans le cadre de congrès internationaux (e.g. APS meeting (USA), Rencontres de virologie végétale (France), PHLOEME (France)). Une à deux publications scientifiques de rang A sont envisagées pour la valorisation des travaux du WP1 et du WP2 à l'issue du projet.

COMITÉ DE PILOTAGE

Matthieu Bogard, Benoit De Solan, Emmanuel Jacquot, Clara Simon, Pascal Giraudeau, Amélie Genty, Guillaume Rouillet, Emeline Teissier Fremery






