

Les résistances génétiques du blé dur aux mosaïques

Jacques David
Institut Agro Montpellier
UMR AGAP GE2POP

1
Bordeaux, 23 Mars 2024

Partenaires 2006-2024 et plus

UMR AGAP

- ressources génétiques, production de matériel
- Génétique quantitative, marquage & séquençage

UMR IGEPP

- cytogénétique & marquage

ARVALIS

- Expertise, génotypage, Phénotypage & remontées filières

Florimond Desprez et RAGT

- Matériel recombinant & évaluation agronomique

UMR PHIM

- Immunologie ELISA
- Mécanismes

Univ Bologne

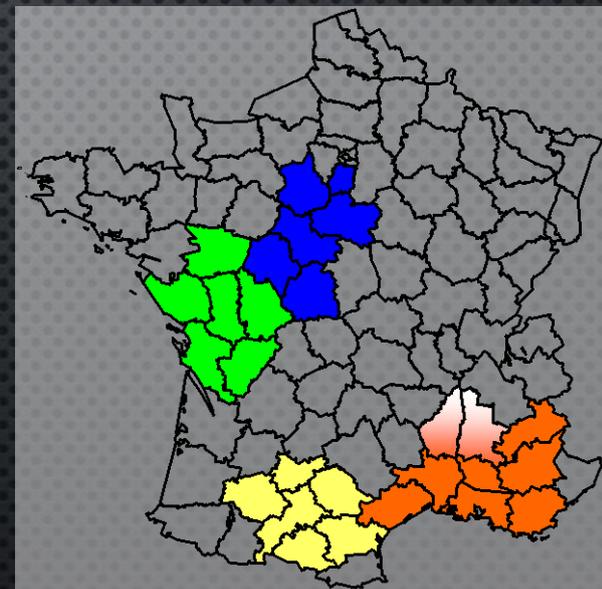
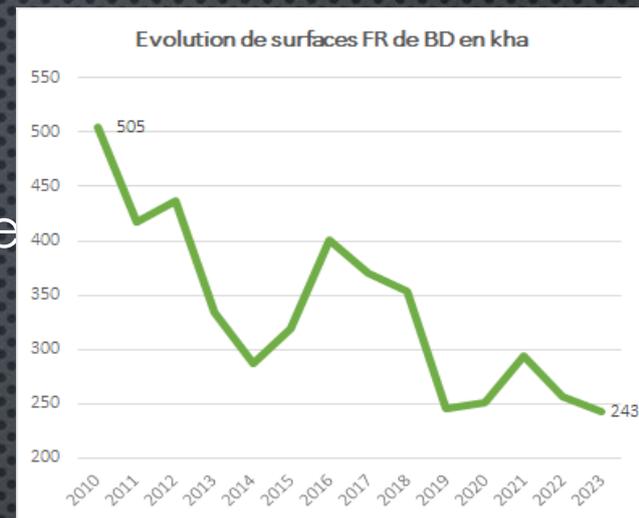
- Phénotypage, Immunologie
- Clonage SBM2

UMR DIADE (IRD) & Univ. Louvain :

- séquençage *Polymyxa tepida* et *columbiana* (Riz)

Enjeux agronomiques et économiques

- Blé dur : consommation humaine via industrie pastière & semoulière
- Diminution dramatique des surface, 50% export
- Mosaiques se développent dans les années 2000
 - WSSMV : Wheat Spindle Streak mosaic virus, bymovirus, potyviridae
 - SBCMV, Soil born mosaic virus, furovirus
- Pas de résistances WSSMV dans les variétés élites
- Pas de lutte chimique contre le vecteur
- Génétique seule voie de lutte : seulement deux sélectionneurs encore actifs en France : RAGT & Desprez

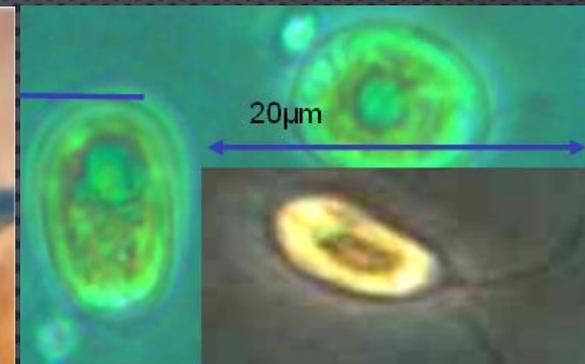
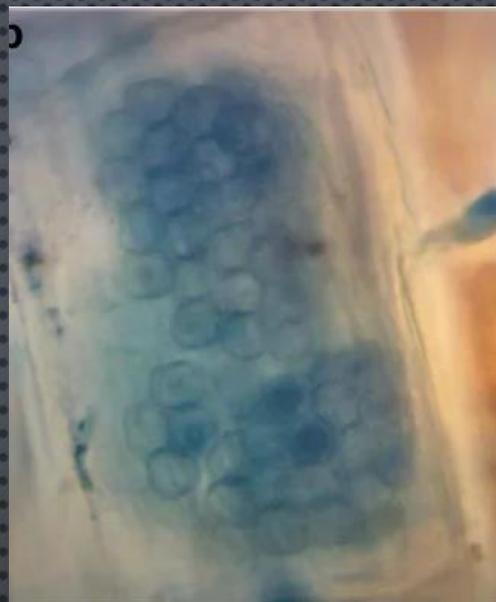


zones de production



Hôte : *Triticum turgidum durum*

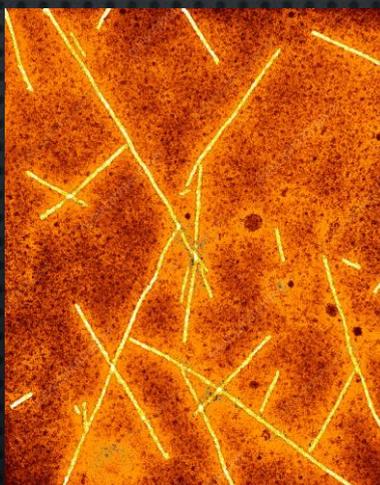
Le Bon



Le Truand

Vecteur : *Polymyxa graminis*

- Plasmophoridé
- Parasite obligatoire des racines
- Spores latentes dans le sol
- Temp. 15 – 22 °C



La Brute

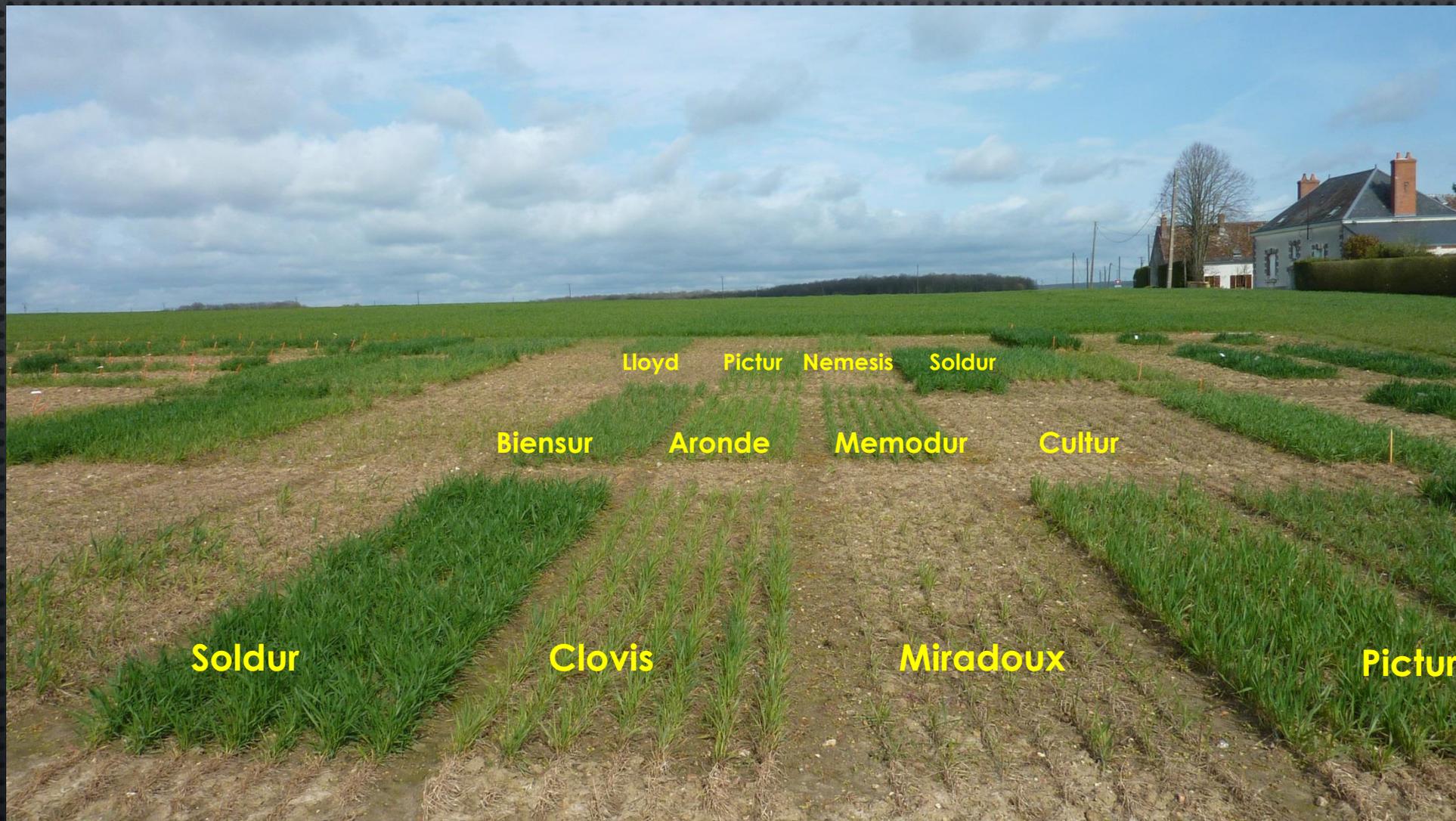
Pathogène : Virus Mosaiques
WSSMV : 10-15°C,
SBCMV :

Part I . Le Bon



Soldur : seule variété inscrite résistante au WSSMV

Quelques variétés résistantes au SBCMV **Aronde, Levante, Meridiano**



Essai de comportement des variétés de blé dur - Chambon sur Cisse (41) – 7 avril 2010

Crédit Michel Bonnefoy, Arvalis

TRAM + MOSAIC : Transfert de Résistance aux Mosaïques

Les croisements phénotypés (Pray- 41) et génotypés

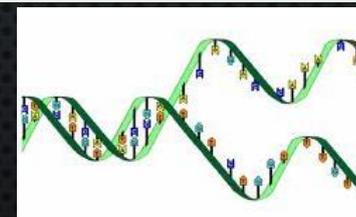


- ✓ Dic 2 * Silur : 180 lignées 2012 et 2015
- ✓ Dic 2 * Lloyd : 180 lignées 2012 et 2015
- ✓ Dic 2 * Byblos : 80 lignées 2014 et 2016
- ✓ Soldur * Pescadou : 100 lignées 2014 et 2016
- ✓ Karur x Soldur : 145 lignées

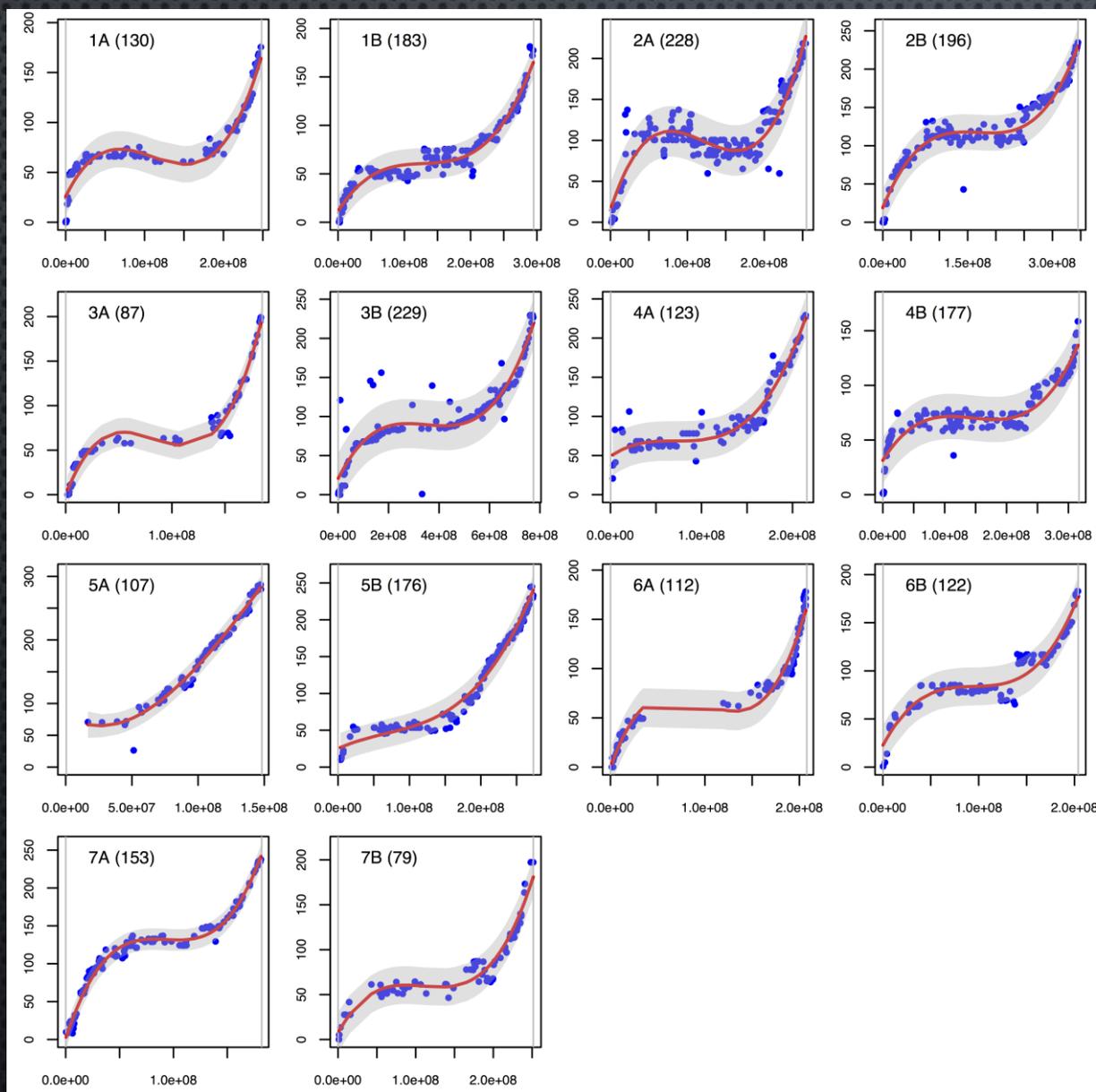
Notes visuelles et analyses
ELISA



Génotypage par capture et
séquençage

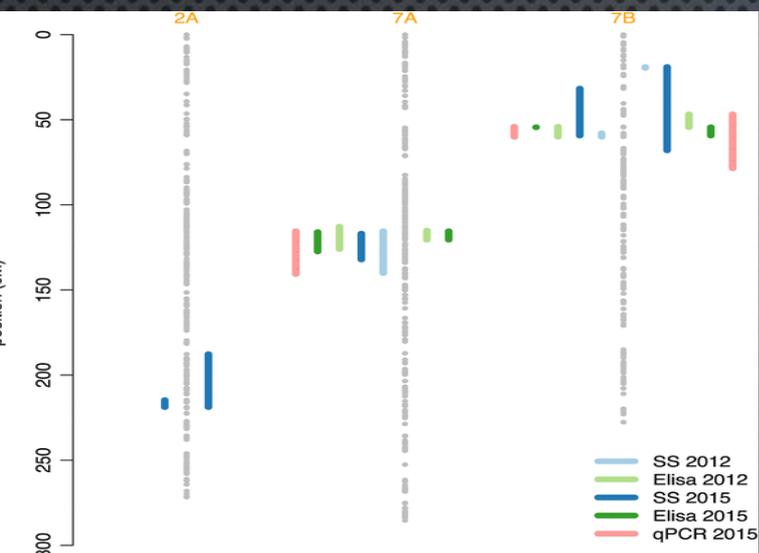


Une première application sur Dic2 x Silur



- ✓ 6240 SNPs ciblés
- ✓ 4373 SNPs récupérés
- ✓ 3735 "golden SNPs" utilisable pour la carto
- ✓ 1624 positions uniques dans la carte
- ✓ Très bonne **colinéarité** avec la référence blé tender de l'époque, encore meilleure aujourd'hui (!)

QTLs de résistance au WSSMV



T. dicoccum

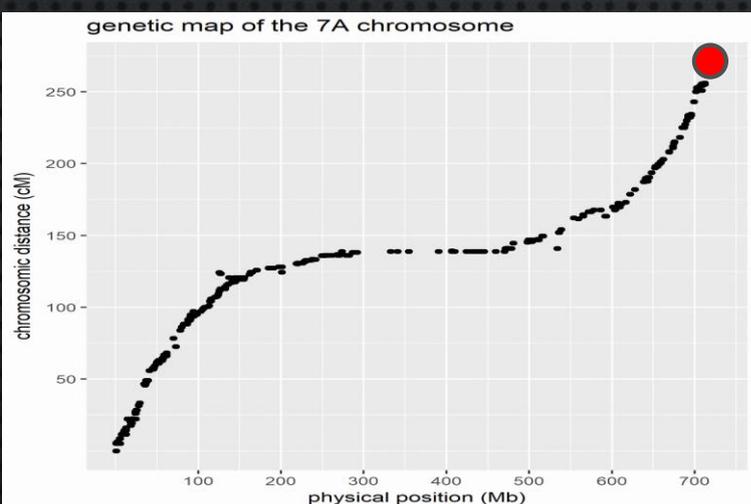
Très forte résistance stable

Deux QTLs en interaction épistatique 7A.1 + 7B

Résistance mineure 2A

Intervalles de confiance larges

(Holtz et al. 2017)



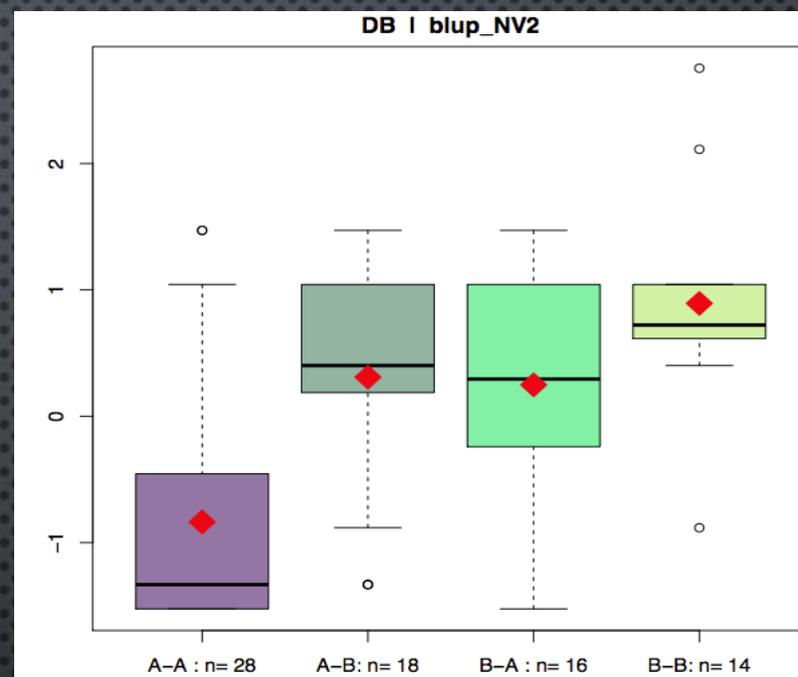
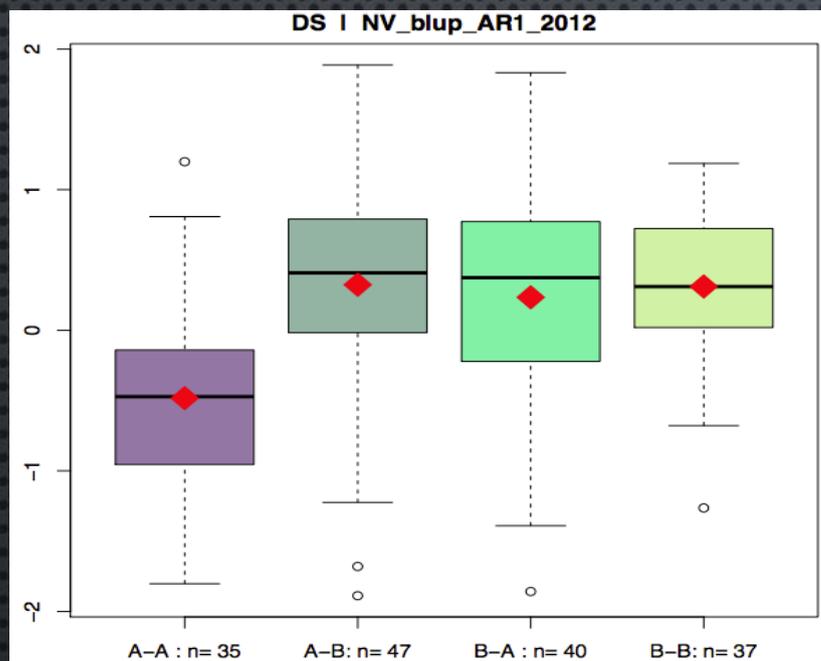
Soldur

Résistance monogénique : 7A.2

Région hautement recombinante : 309kbp, 1 cM

Non encore publié (avantage RAGT & Desprez)

Epistasie 7A-7B pour la résistance de Dic2



- ✓ Une **interaction** entre les 2 QTLs
- ✓ **Nécessité** des 2 QTLs pour résister : épistasie positive : mécanismes biologiques ?
- ✓ Mais des individus résistants avec un seul allèle
- ✓ **Variance expliquée forte** : entre 17 et 47%

Sur le SBCMV : une interaction G x Souches ?

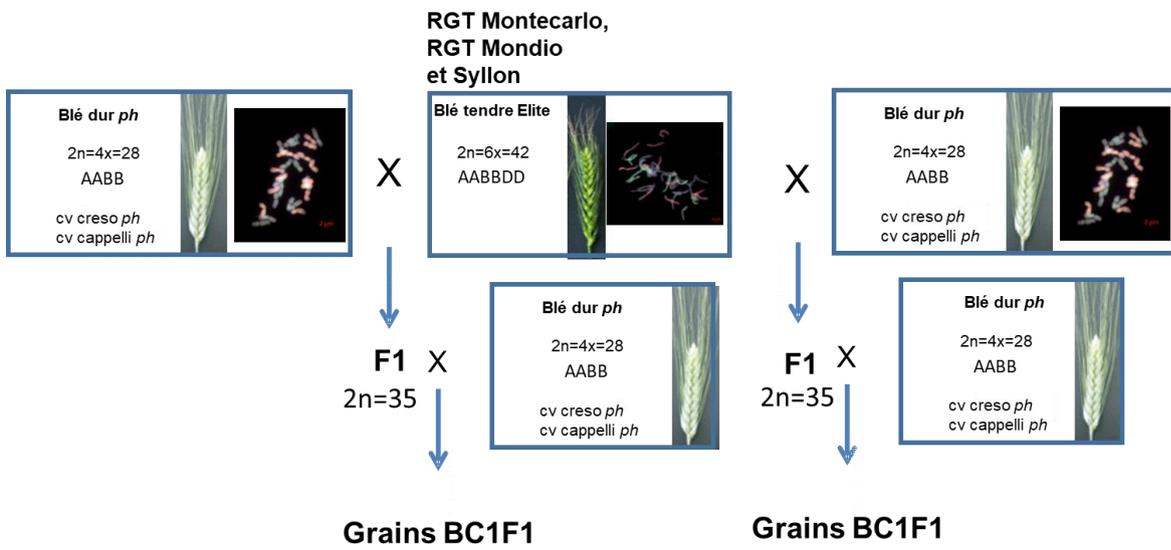
- 3 QTIs : 2B (Sbm2, Maccaferi et al. 2011, 2012), deux nouveaux 2A and 6B
- Très fort effets de l'environnement : diversité virale, vecteurs ? climats?

Interactions avec d'autres virus ?

				Silur	Dic2	Dic2	Dic2	Meridian o	Dic2	Dic2	Dic2	Dic2	
				1A	1B1	1B2	2A	2B	4B	6B1	6B2	7A	
Chambon	D2S D2L	SIM	ELISA				+			++	+		
			Visual		+	+					++	+	
		CIM	ELISA								++		
			Visual		+					+	++		
Bologna	D2S	SIM	ELISA				++			+	+		
			Visual	+			++						+
		CIM	ELISA				++				+		
			Visual	+			++						
	EPO	MLM	ELISA					++					
			Visual					++					
		MLM M	ELISA					++					
			Visual					++					

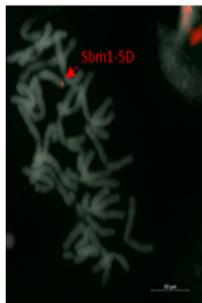
Introgression *via* le blé tendre

Projet MOSADURUM : QTL 2D et Sbm1-5D



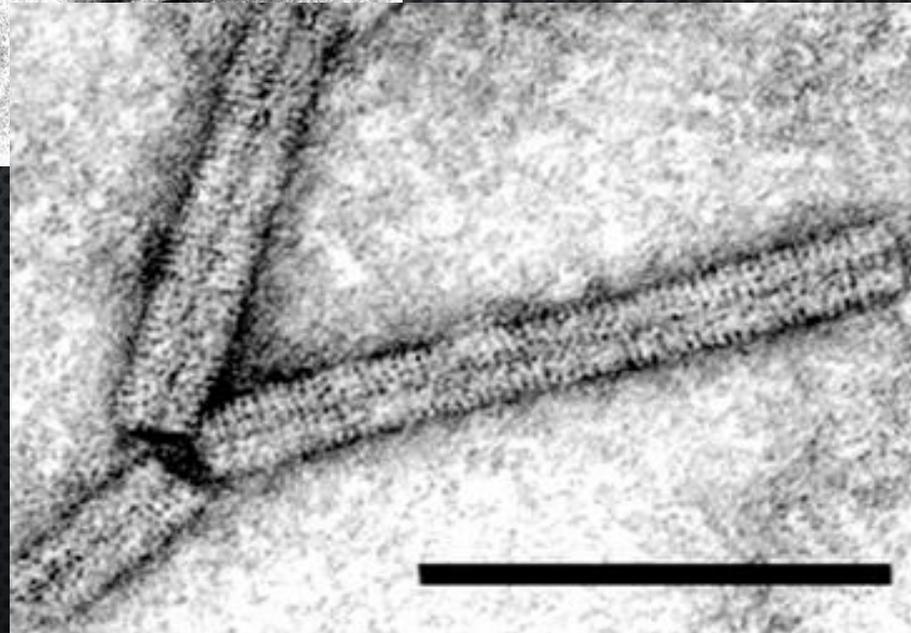
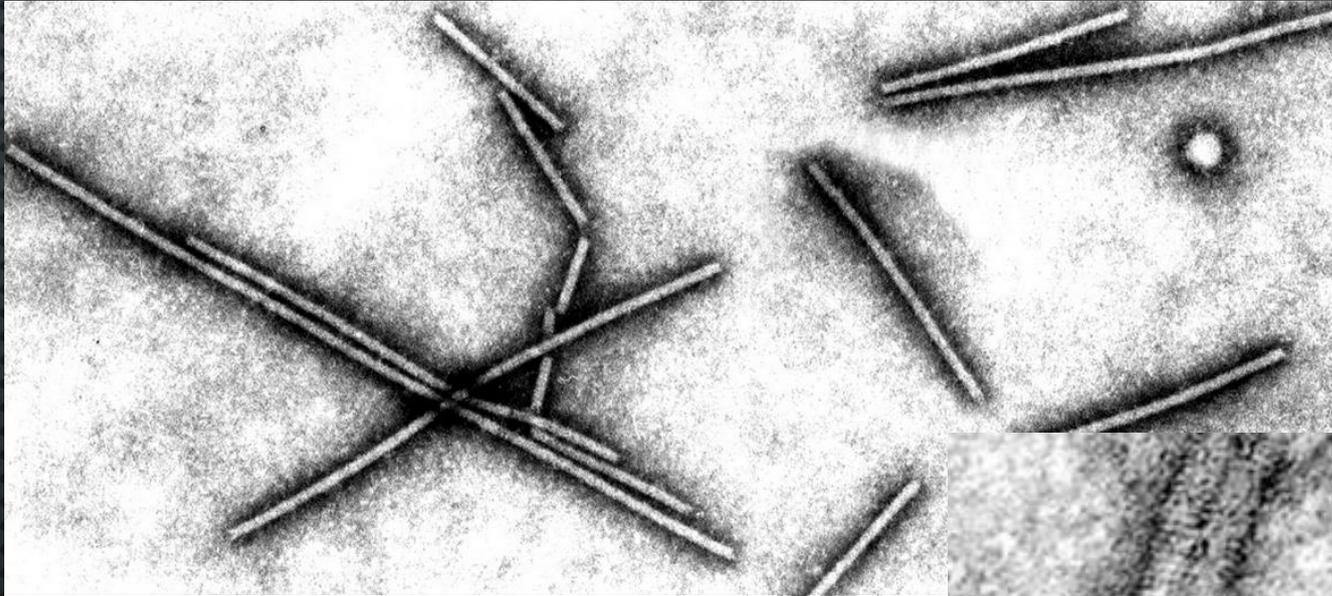
Sbm1-5D

5D chr (748 MB) These oligos will target 5D (620 kb : 546651779 – 547277281)



Oligo Fish

Part II. La Bête



Diversité(s) WSSMV & SBCMV

Projet CASDAR Mosadurum & Agropolis Fondation Pogrive

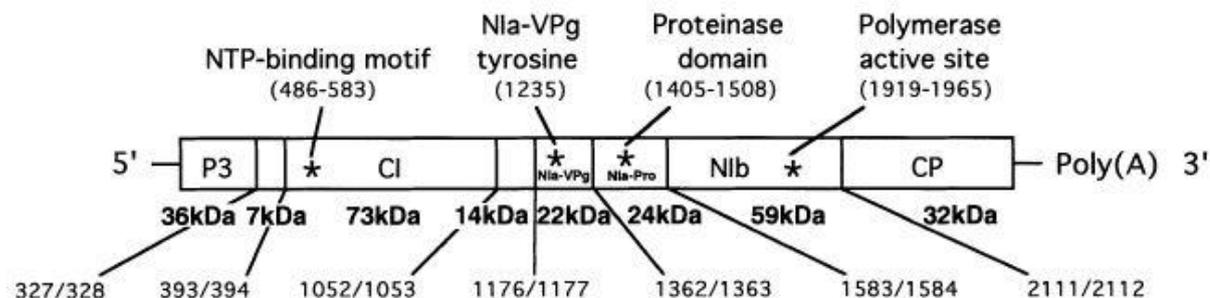
- PROJET : CONSTITUTION D'UNE COLLECTION NATIONALE ET EUROPÉENNE
- MISE AU POINT D'UN OUTIL DE CAPTURE DE SÉQUENCES VIRALES DU WSSMV ET SBCMV
- PHYLOGÉOGRAPHIE & ÉTUDES À DIFFÉRENTES ÉCHELLES

Structure des ARN du WWSSMV

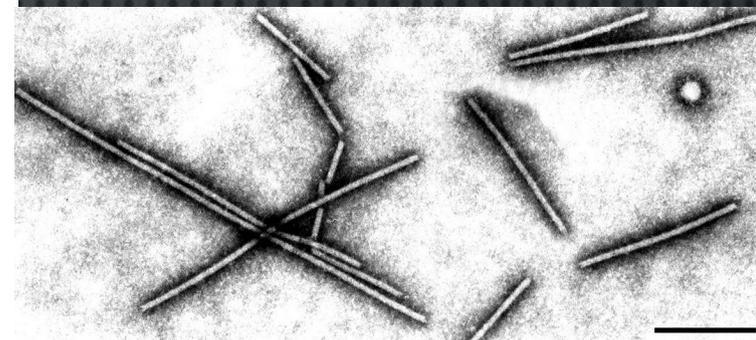
Séquence produite à partir d'un cDNA d'une plante contaminée

RNA 1

269 kDa polyprotein

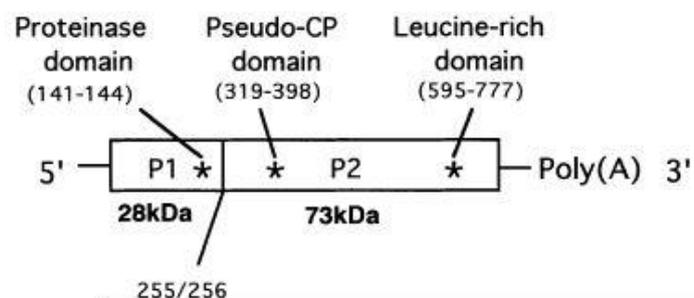


RNA1 proche des *Potyvirus* à partir de P3



RNA 2

101 kDa polyprotein



RNA2 spécifique aux Bymo

ARNs du SBCMBV

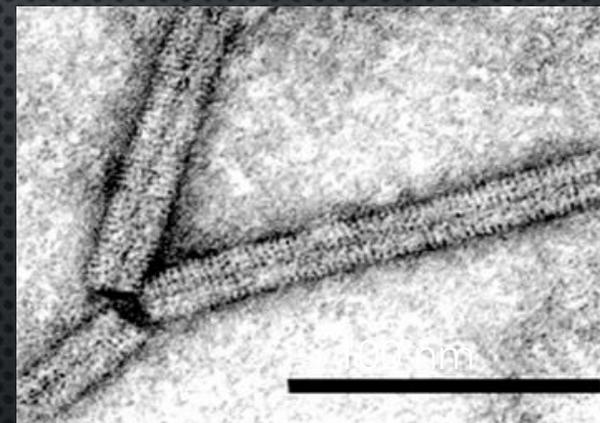
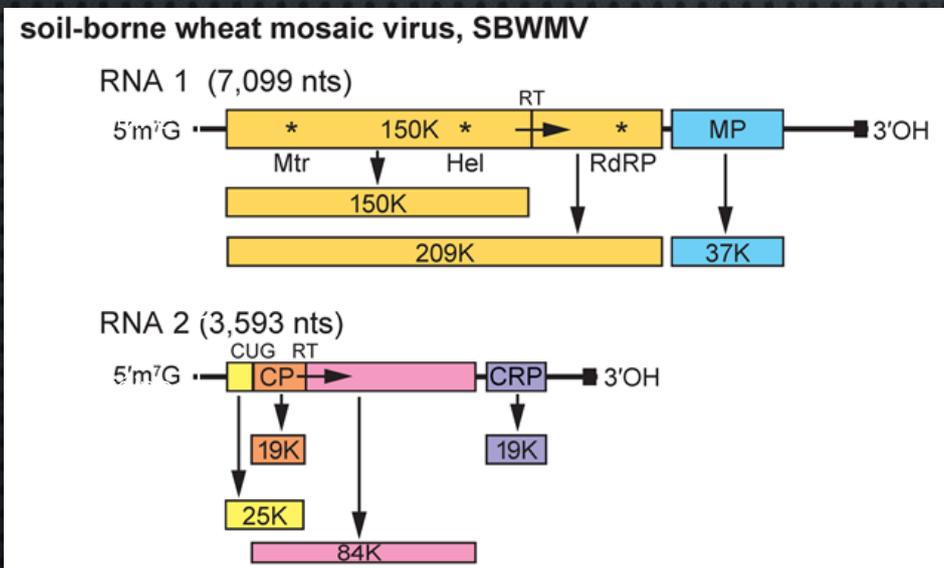
Genre furovirus.

Capside tubulaire non enveloppée (type TMV).

Génome bipartite de ssRNA(+):

- RNA1 de 7000 bp (replicase + protéine de mouvement)
- 3000 bp pour le RNA2 (capside).
- Pas de queue polyA en 3' mais une CAP en 5'.

FUROVIRU
S



Information ICTV: https://talk.ictvonline.org/ictv-reports/ictv_online_report/positive-sense-rna-viruses/w/virgaviridae/667/genus-furovirus

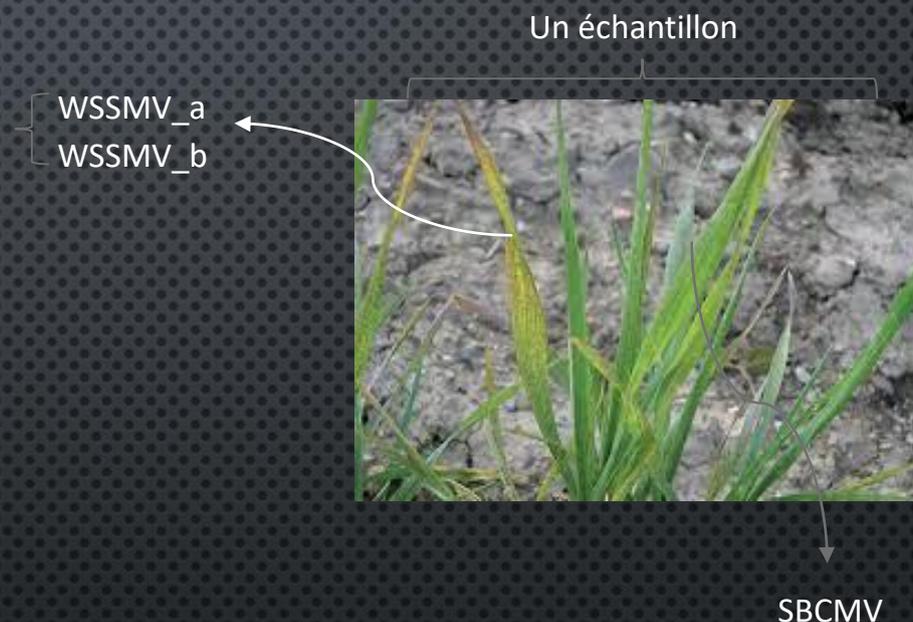
Prospections et accès aux génomes

Entre 2020 et 2023 : 864 échantillons

Une plante = une banque de cDNA

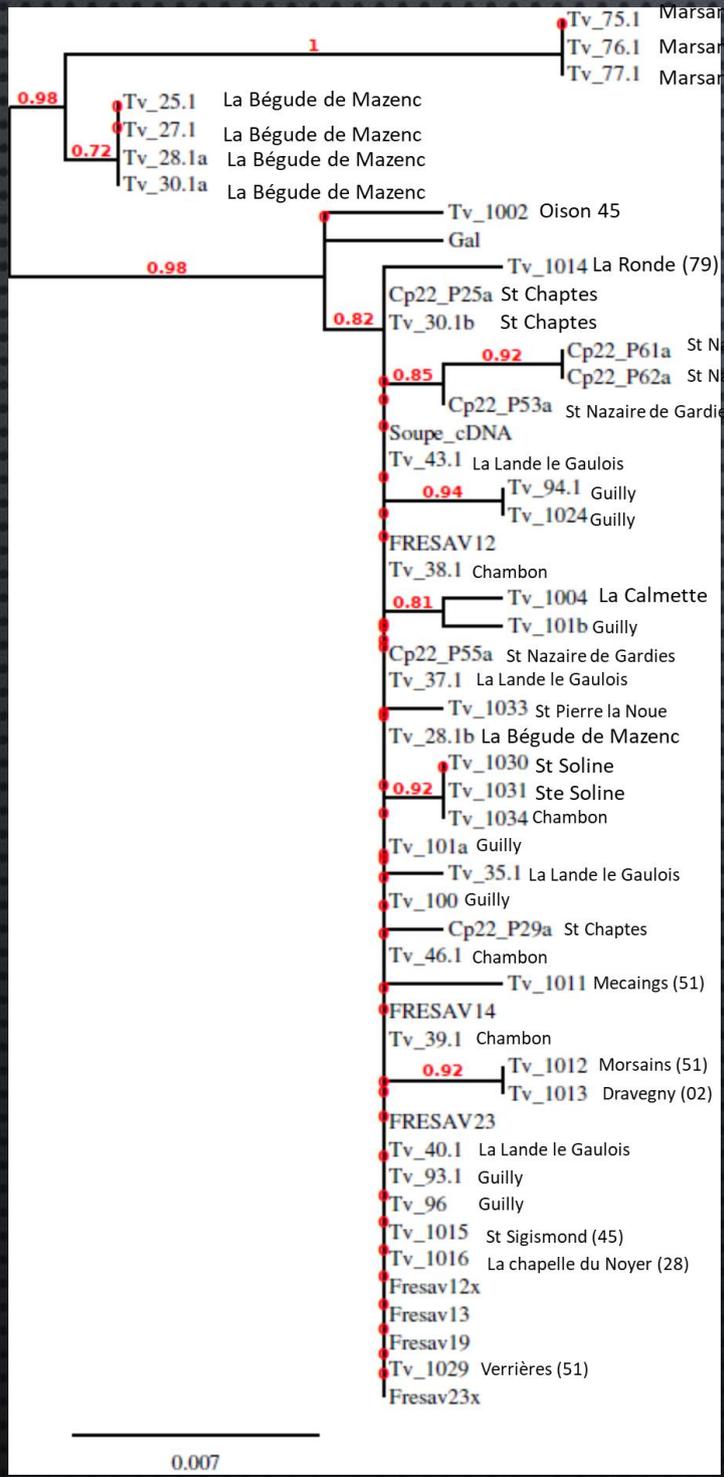
Test Elisa, qPCR : Présence de l'un ou l'autre virus

Enrichissement par capture & séquençage pour les plus titrés



Présence des virus sur le territoire français

Dept	Commune	SBCMV	WSSMV	Année	Dept	Commune	SBCMV	WSSMV	Année	Dept	Commune	SBCMV	WSSMV
2	Dravegny	+		2023	30	Calmette	+	+	2023	45	Oison	+	+
11	Belpech		+	2022	30	St Chaptes		+	2021	45	Patay	+	
11	Castelnaudary		+	2022	30	St_jean_de_Cri			2023	45	St Péray la c		
11	MARQUEIN		+	2022	30	St_Nazaire_des			2023	45	St Sigismond	+	
11	Mas_Stes_Puelles		+	2022	31	Aureville	+	+	2023	45	Triguères		
11	Souiahanel		+	2022	31	Aureville		+	2023	51	Coolus		
11	St Martin La Lande			2023	31	Montesquieu- Lauragai		+	2023	51	Corroy		
14	Moulins en Bessin		+	2021	34	Lodève			2023	51	Leuze, Morsac	+	
17	Saint-Pierre la Noue	+	+	2021	34	St Aunes	+	+	2023	51	Mecaings	+	+
26	La Begude de Mazenc	+	+	2023	34	St Aunès		+	2023	51	Soudron		
26	Marsanne	+	+	2021	36	GUILLY	+	+	2023	77	Boissy aux ca		
28	Cheville		+	2023	36	Guilly	+	+	2023	79	La Ronde	+	
28	La Chapelle du noyer	+		2023	36	Lucay le libre		+	2023	79	Rom		+
28	Le Mec_Cloyes les 3 rivieres			2021	36	Luçay le libre			2023	79	Sainte-Soline	+	+
28	Perouville			2022	36	Paudy			2023	80	Chuignes		
28	Terminiers	+	+	2023	41	Chambon	+		2021	85	Angles		
				2021	41	Chambon sur ci	+	+	2021	85	Pétasse	+	+
				2021	41	Landes le Gaulc	+	+	2021	85	SaintMichel	+	+
				2021	41	Lignarelle	+	+	2023	?	Verrieres	+	
				2022	41	Ouzouer		+	2023	45?	Cravant		+
				2022	41	Pray	+	+	2023		Rieux en Car		



Capside SBCMV

3 clades ?

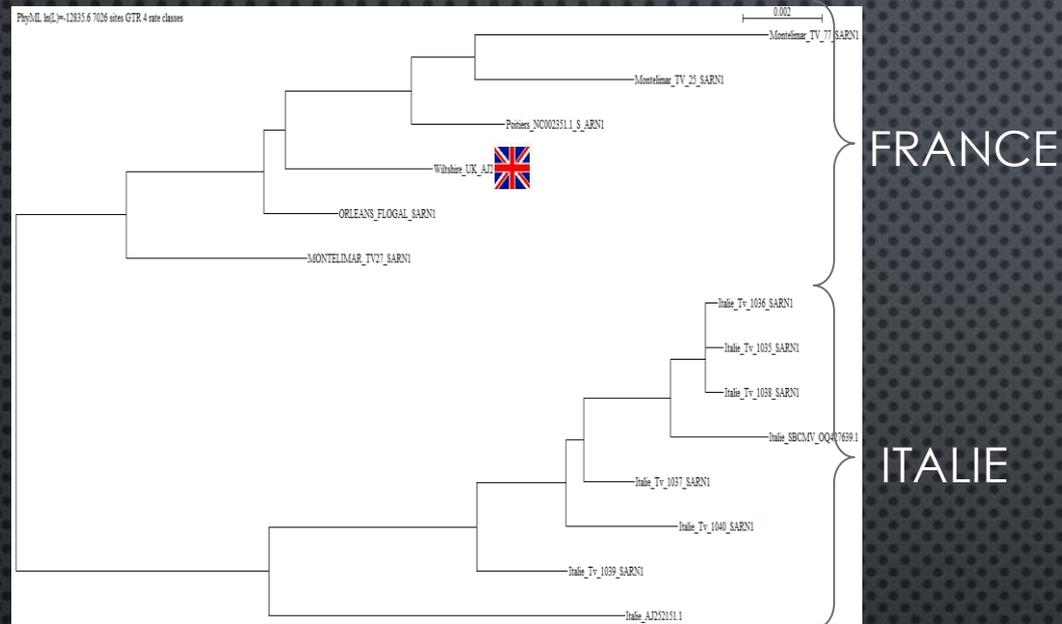
Le clade 3 regroupe des origines géographiques assez éloignées en France

Capture, séquençage, assemblage *de novo* et mapping



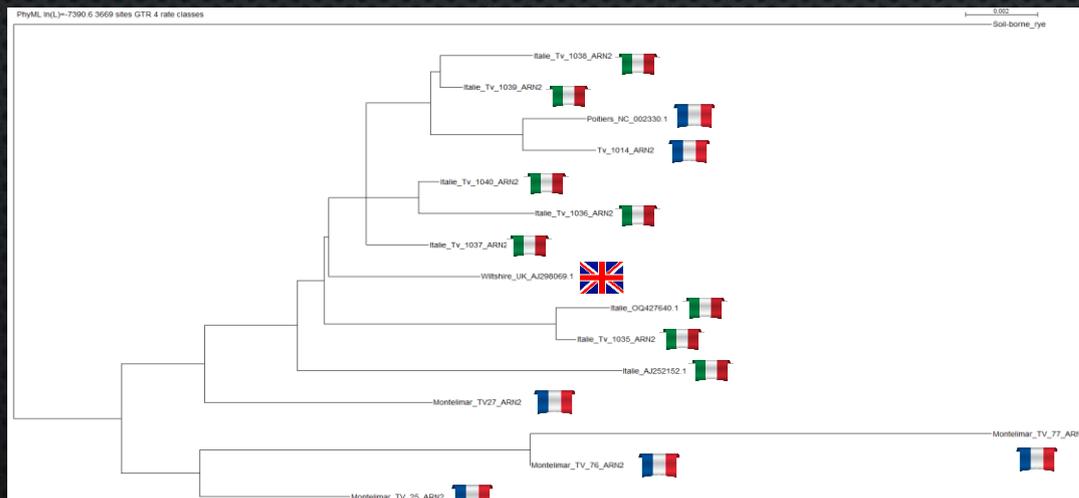
- une certaine hétérogénéité entre baits
- Profondeur parfois insuffisante
- Séquençage PCR capsid

SBCMV ARN1 complet



SBCMV : une structuration variable selon l'ARN

SBCMV ARN2 complet



Test de neutralité : Mc Donald-Kreitman

SBCMV ARN1

	Polymorphismes	Fixation entre espèces
S	232	155
NS	70	70

$$\frac{Pn}{Ps} < \frac{Dn}{Ds}$$

Test Fisher :
pvalue = 0,035*

SÉLECTION POSITIVE ?

Perspectives

Pogrive

Continuer à assembler la banque : France & Europe

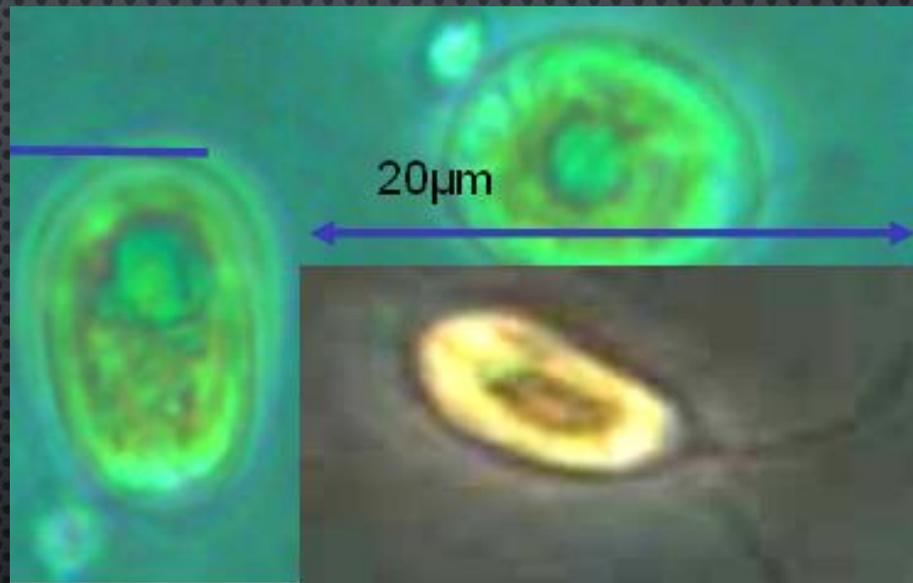
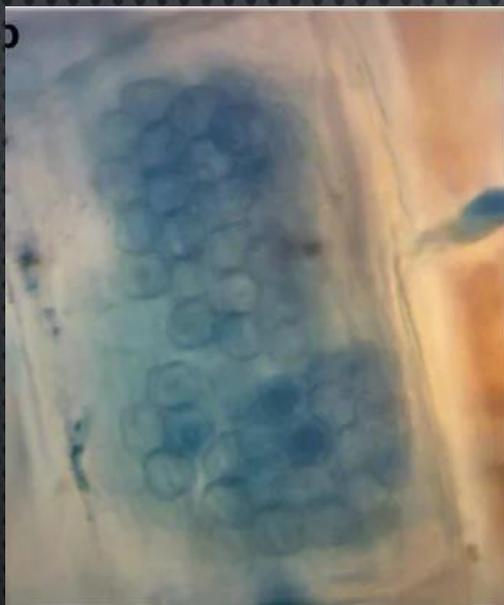
Améliorer les performances de séquençage

Tester l'évolution des différents gènes pour comprendre les modes de différenciation & d'adaptation

Autres futurs projets ?

Faire le lien avec la diversité du blé ??

Le Truand



Séquençage du génome et diversité...

Enrichissement des banques génomiques : <1%

Séquençage long fragment réalisé

Assemblage attendu printemps 2024

Diversité (PCR longues) sur les mêmes échantillons que les virus

CO EVOLUTION avec Virus

GWAS Blé sur colonisation et association de souches ?)

Vers une gestion Durable des résistances ?

ACCÉLÉRER LA CRÉATION DE VARIÉTÉS À DOUBLE RÉSISTANCE WSSMV ET SBCMV PROJET FSOV README

- SÉQUENCAGE GENOMIQUE /MARQUAGE FIN/ INTROGRESSION BLÉ TENDRE

DIVERSIFIER LES SOURCES DE RÉSISTANCES : INTROGRESSION BLE TENDRE (IGEPP)

TESTER LES INTERACTIONS QTL X SOUCHE : RÉSEAU?

TESTER LES MÉLANGES VARIÉTAUX EN BIO (ABANDONNÉ DEPUIS 2 ANS)

AMÉLIORER NOS CONNAISSANCES SUR LES MÉCANISMES : V MARIE JEANNE README

DIVERSITÉ VIRUS AUX ÉCHELLES MACRO ET MICRO

- PAYSAGE DE LA DIVERSITÉ VIRALE : PHYLOGÉOGRAPHIE & PARAMÈTRES POPULATIONNELS
- POLYMORPHISMES DE SITE INTRA ET INTERPLANTE & VIRULENCE ?

BIOLOGIE ET DIVERSITÉ DU VECTEUR *POLYMYXA GRAMINIS*

- SÉQUENÇAGE DU GÉNOME
- INTERACTION AVEC LES QTLs DE RÉSISTANCE ET DE LA DIVERSITÉ VIRALE
- RECHERCHE DE QTL DE RÉSISTANCE À *P. GRAMINIS*
- INTERACTION AVEC MICROBIOTE RACINAIRE : PRÉMUNITION ? TRAITEMENT DE SEMENCE ?

A PLUS LONG TERME, SANITATION DES SOLS ? ROTATION & CULTURE DE VARIÉTÉS RÉSISTANTES

Partenaires

Arvalis

Michel Bonnefoy, Delphine Hourcade, Cyrille Gaujard, David Gouache, Faharidine Mohamadi, Romain Valade

IA Montpellier

Jacques David, Véronique Marie-Jeanne, Vincent Ranwez
Stagiaires : Marie Chassine, Sylvia Salgon, Judit Gervai, Lucas Mathieu, Valentin Ribaud, Timothée Liechtenstein, Laurène Mailhan, Constance Bonhomme

INRAE

Véronique Viader, Sylvain Santoni, Muriel Latreille, Nathalie Chantret, Morgane Ardisson

CDD Projet TRAM, MOSAIC, MOSADURUM

Yan Holtz, Valentin Ribaud, Johanna Girodolle

RAGT

Thierry Lefèvre, Frédéric Minard

Florimond Desprez

Michael Cochard, Ellen Goudeman