



HAL
open science

Identification d'un nouveau mécanisme de résistance au Plum pox virus chez *Arabidopsis thaliana*

Sylvain Poque, Jean-Philippe Eyquard, Juan Antonio García, Thierry T. Candresse, Véronique Decroocq

► To cite this version:

Sylvain Poque, Jean-Philippe Eyquard, Juan Antonio García, Thierry T. Candresse, Véronique Decroocq. Identification d'un nouveau mécanisme de résistance au Plum pox virus chez *Arabidopsis thaliana*. 13. Rencontres de virologie végétale, Jan 2011, Aussois, France. hal-02747028

HAL Id: hal-02747028

<https://hal.inrae.fr/hal-02747028>

Submitted on 3 Jun 2020

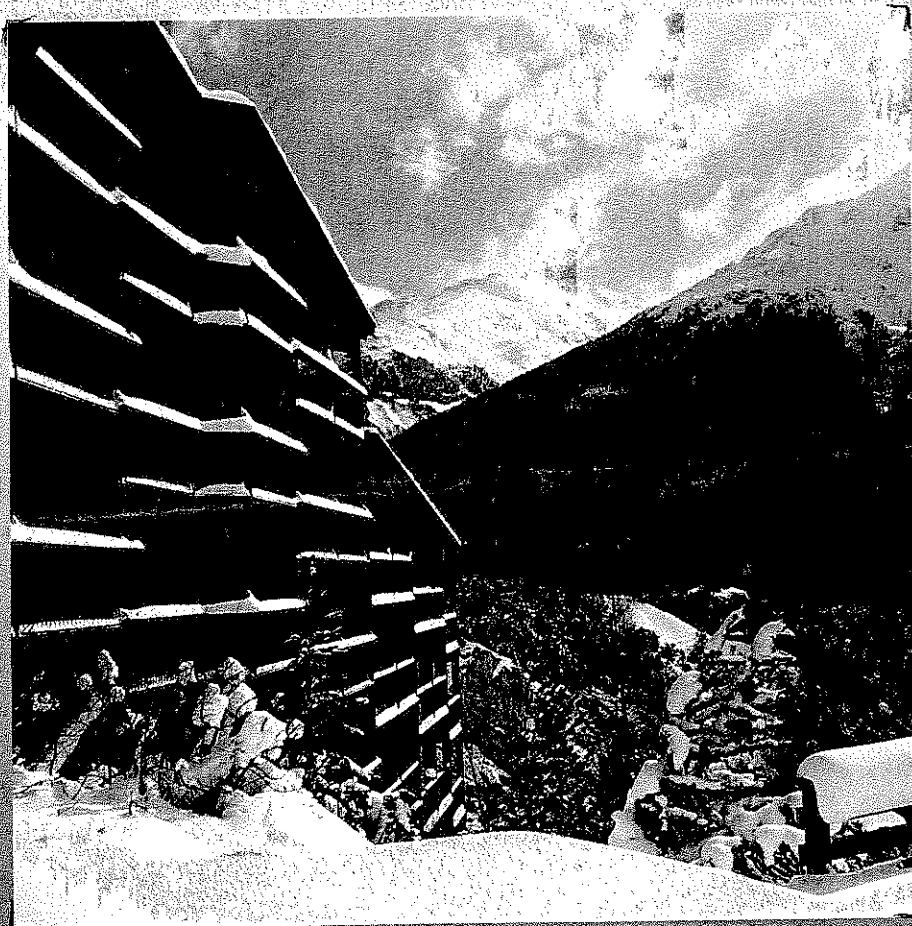
HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



RVV

13^{èmes} rencontres de virologie végétale



Aussois du 16 au 20 janvier 2011



40- Identification d'un nouveau mécanisme de résistance au Plum Pox Virus chez *Arabidopsis thaliana*

Sylvain POQUE, Jean Philippe EYQUARD, Juan Antonio GARCIA, Thierry CANDRESSE, Véronique DECROOCQ

Centre INRA Bordeaux Aquitaine - UMR GDPP - Virologie 71 avenue Edouard Bourleaux - 33883 VILLENAVE D'ORNON Cedex

sylvain.poque@bordeaux.inra.fr

La maladie de la Sharka est due à un virus de quarantaine, le *Plum Pox Virus* (PPV), infectant les arbres fruitiers du genre *Prunus*. Il est nécessaire de trouver des moyens de lutte, telle que la sélection de plantes résistantes. Or chez ces espèces, les sources de résistance sont à l'heure actuelle en nombre limité, voire inexistantes. Il a été montré, au laboratoire, que ce virus est capable d'infecter *Arabidopsis thaliana* et qu'il existe chez cette espèce une grande diversité de réponse à l'infection. Des études préliminaires ont mis en évidence une résistance systémique à l'infection par le PPV chez l'écotype JEA, qui se distingue au niveau biologique des autres mécanismes de résistance décrits à ce jour, impliquant les facteurs d'initiation de la transcription eIF(iso)4E et eIF(iso)4G1.

Cette étude vise à rechercher de nouveaux facteurs de résistance en allant identifier le(s) gène(s) de résistance chez la plante, ainsi qu'en caractérisant le déterminant viral impliqué dans la résistance au PPV chez JEA.

Une population de lignée recombinante (RILs) issue du croisement entre une accession sensible "Col-0" et une accession résistante "JEA" à la souche viral PPV-R a été sélectionnée afin de tester sa réponse à l'infection au PPV. Deux méthodes d'inoculation ont été comparées : une infection mécanique à partir de feuilles de *Nicotiana benthamiana* inoculé avec pICPPVnkGFP et une par agro-infection à partir d'une souche *Agrobacterium tumefaciens* contenant pBINPPVnkGFP. Après 21 jours l'accumulation virale a été déterminée par ELISA. Il est attendu que la détection de QTL impliqués dans la résistance permettra de sélectionner au cœur de cette population des lignées qui seront ensuite génotypées plus finement afin de mendéliser les QTLs les plus significatifs et envisager le clonage positionnel de l'un au moins de ces loci.

En parallèle, à l'aide de méthodes de clonage dirigé, quatre recombinants viraux provenant de l'échange de matériel génétique entre une souche contournant la résistance (PPV-NAT) et une autre ne pouvant infecter "JEA" (PPV-R) ont été obtenues. L'infectivité de ces recombinants a été testé sur *Nicotiana benthamiana* ainsi que sur des accessions d'*Arabidopsis* permissives aux virus ("Col-0") ou résistantes ("JEA")

La première génération provenant du croisement Col-0 x JEA a permis de montrer que "JEA" porte une résistance récessive tandis que la deuxième génération, issue de l'autofécondation d'un individu de la première génération, met en évidence au moins deux gènes contrôlant ce caractère. L'analyse de 188 RILs issues de ce croisement a conduit à localiser sur la carte génétique d'*Arabidopsis* une région génomique potentiellement impliquées dans la résistance au PPV.