



HAL
open science

Marqueurs moléculaires d'une résistance au virus de la mosaïque de la laitue(LMV) identifiée chez *Lactuca V/Rosa*

Brigitte Maisonneuve, Richard Michelmore, Yannick Bellec, Herve Lot

► To cite this version:

Brigitte Maisonneuve, Richard Michelmore, Yannick Bellec, Herve Lot. Marqueurs moléculaires d'une résistance au virus de la mosaïque de la laitue(LMV) identifiée chez *Lactuca V/Rosa*. 4. Rencontres de virologie végétale, Jan 1993, Aussois, France. hal-01607682

HAL Id: hal-01607682

<https://hal.science/hal-01607682>

Submitted on 4 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.



Distributed under a Creative Commons Attribution - ShareAlike 4.0 International License



Centre National de la
Recherche Scientifique



Institut National de la
Recherche Agronomique

QUATRIEMES RENCONTRES DE VIROLOGIE VEGETALE

25-29 JANVIER 1993

Centre Paul Langevin du CAES du CNRS

Aussois (Savoie)

MARQUEURS MOLECULAIRES D'UNE RESISTANCE AU VIRUS DE LA MOSAÏQUE DE LA LAITUE (LMV) IDENTIFIEE CHEZ *LACTUCA VIROSA*

Brigitte Maisonneuve^(1, 2), Richard Michelmore⁽²⁾, Yannick Bellec⁽¹⁾ et Hervé Lot⁽³⁾

(1) INRA, Station de Génétique, 78026-Versailles Cedex

(2) University of California, Department of Vegetable Crops, Davis-CA95616, USA

(3) INRA, Station de Pathologie végétale, BP94, 84140-Montfavet

Des isolats de virus de la mosaïque de la laitue virulents sur les variétés possédant les gènes de résistance "g" ou "mo" ont été identifiés en France. Une nouvelle résistance à ce potyvirus, efficace vis à vis des 4 pathotypes testés, a été identifiée chez une espèce sauvage, *L. virosa*. Son introduction chez la laitue s'avère délicate; d'une part, les croisements interspécifiques sont stériles, les descendances des rétrocroisements par *L. sativa* sont peu fertiles et souvent nécrotiques; d'autre part, l'emploi d'isolats très virulents, transmissibles par pucerons et par la graine exige un très strict confinement pour tester les plantes. Nous recherchons des marqueurs moléculaires de cette résistance, en utilisant la stratégie développée avec succès pour localiser les gènes de résistance au *Bremia lactucae* sur la carte génétique de la laitue.

L'étude d'hérédité et la recherche de marqueurs de la résistance sont réalisées dans l'espèce sauvage *L. virosa*. Les lignées F3, descendant d'un croisement entre le géniteur de résistance et une accession de *L. virosa* sensible au LMV, sont utilisées pour ce travail. Nous avons sélectionné les lignées F3 fixées. L'ADN de chaque lignée a été extrait et 2 échantillons ont été constitués : lignées résistantes et lignées sensibles. Ces 2 ADN sont comparés ("Bulk Segregant Analysis") après PCR avec des amorces non spécifiques de 10 oligonucléotides afin de détecter un polymorphisme ("Random Amplified Polymorphic DNA"). Une première étude avec 75 amorces (kit de Operon technologie) a déjà permis d'identifier un marqueur RAPD lié à la résistance.

La recherche d'autres marqueurs RAPD est en cours. Pour disposer de marqueurs plus faciles à utiliser en sélection (plus spécifiques, souvent codominants), des amorces plus longues seront fabriquées à partir de la bande polymorphique identifiée ("SCARs") : clonage de la bande, séquençage des extrémités, création de 2 amorces de 24 oligonucléotides. Plusieurs de ces "SCARs" sont déjà localisés sur les 4 groupes de liaison du génome de la laitue où sont regroupés tous les gènes de résistance étudiés (*Bremia lactucae*, TuMV, *Rhizomonas suberifaciens*, puceron des racines, *Plasmopora lactucae radialis*).

Ces marqueurs moléculaires, faciles à utiliser (faible quantité d'ADN nécessaire, réponse rapide sans utilisation de radioactivité) seront un outil précieux pour la sélection dans les descendances des croisements interspécifiques, la localisation du gène de résistance sur la carte génétique de la laitue, et, à plus long terme, le clonage du gène de résistance.