

Comment créer de nouvelles variétés hybrides interspécifiques de bananiers malgré la présence de séquences virales endogènes infectieuses du Banana streak virus dans le génome *Musa balbisiana* ?

B. Farinas^a, M. Umber^a, L. Bonheur^a, F. Salmon^a, C. Jenny^a et P.-Y. Teycheney^b

^a*CIRAD-Bios, UMR AGAP, Station de Neufchâteau, 97130 Capesterre Belle-Eau, Guadeloupe;*

^b*CIRAD, UMR AGAP, Station de Neufchâteau, 97130 Capesterre Belle-Eau, Guadeloupe
teycheney@cirad.fr*

La création de nouvelles variétés interspécifiques de bananiers résistantes aux maladies est un enjeu économique et environnemental majeur pour l'ensemble des pays producteurs. Elle repose sur la combinaison de types parentaux *Musa acuminata* (A) et *Musa balbisiana* (B). Or, l'ensemble des ressources *M. balbisiana* connues héberge des séquences endogènes infectieuses du virus de la mosaïque en tirets du bananier (eBSV). Ces séquences s'expriment dans la descendance des croisements entre parents *M. acuminata* et *M. balbisiana* sous l'action de stress abiotiques activateurs (culture cellulaire, différences de température), conduisant à un risque d'activation à grande échelle lors du déploiement en parcelles de variétés hybrides interspécifiques. De fait, la présence d'eBSV infectieux dans le génome de *M. balbisiana* est devenue la principale contrainte pour la création de nouvelles variétés de bananiers. Les recherches entreprises au CIRAD (Iskra Caruana et al, 2010) ont montré que le génome de l'espèce modèle *M. balbisiana* Pisang Klutuk Wulung (PKW) héberge des eBSV de 4 espèces virales distinctes : BSOLV, BSGFV, BSimV et BSMysV. Ils ont également montré que les intégrations eBSOLV et eBSGFV dans le génome de PKW sont mono locus et di-alléliques, un seul des deux allèles étant infectieux, alors que les intégrations eBSimV sont également mono locus mais mono-alléliques, l'allèle unique étant infectieux. Ces travaux ont abouti à la mise au point d'outils moléculaires permettant de distinguer par PCR les deux types d'allèles. L'utilisation de ces outils nous a permis de caractériser vis-à-vis des allèles eBSOLV, eBSGFV et BSimV les ressources génétiques *Musa* du CIRAD contenant le génome *M. balbisiana*. Ce travail a mis en évidence une importante diversité des profils d'insertion eBSV dans ces ressources, qui présentent toutes les combinaisons possibles allèle infectieux / allèle non infectieux. Le potentiel d'activation des eBSV infectieux a été étudié dans une sélection d'accessions de génotypes variés, afin de valider par voie biologique le résultat de ces études structurales. Nous avons également mis en œuvre un programme ambitieux de création de ressources *M. balbisiana* améliorées, indemnes d'eBSV. Plusieurs géniteurs indemnes d'eBSOLV et/ou eBSGFV infectieux ont été obtenus, ce qui permet d'envisager l'utilisation de *M. balbisiana* pour la création de variétés interspécifiques sans danger d'activation d'eBSV infectieux.

Références : Iskra-Caruana ML, Baurens FC, Gayral P, Chabannes M. (2010). A four-partner plant-virus interaction: enemies can also come from within. *Mol. Plant Microb. Interact* 23: 1394-402