

GreenPeas: Investigation of the pea factors involved in aphid-mediated infection of Pea Enation Mosaic Virus

- Financeur : ANR
- Durée : 2024-2028
- Contact : Martin Drucker

Summary

Due to the recent pesticide ban in Europe, crops are suffering from the diseases caused by insect transmitted viruses. In particular, aphid-borne Pea Enation Mosaic Virus (PEMV) causes serious yield loss in pea (*Pisum sativum*), an important source of protein. Although some PEMV resistant pea genotypes were identified, resistance genes are not cloned, and the infection process and the mechanisms of symptom development are not understood at a molecular level. Recently, Partner 1 has screened a collection of 240 *Pisum* genotypes, conducted Genome Wide Association Study (GWAS) and identified a locus involved in quantitative resistance to the pea aphid, *Acyrtosiphon pisum*, a major pest of pea and the vector of PEMV. There was no strong-effect resistance gene that prevents the aphid to feed on peas, hence the aphid can inoculate the virus to all the genotypes. To identify pea genes that are involved in PEMV transmission, within-host propagation and symptom development, we propose to screen the collection of 240 pea genotypes, completed with some known PEMV resistant and susceptible genotypes, for partial or total resistance against PEMV. We will evaluate PEMV spread and symptom development after aphid inoculation and conduct several GWAS to identify pea genes involved in the resistance to different steps of the infection process. In the same time, we will evaluate the virus induced changes in pea biology using transcriptomics and also in aphid-plant interactions by monitoring aphid performances and feeding behaviour. The identified genes and pathways involved in virus infection and pea-virus-aphid interactions will be examined by functional analyses. The project will identify multiple genes that are involved in virus infection and contributes to understand the mechanisms of viral infection including transmission and its effect on plant-aphid interactions.

Résumé

En raison de l'interdiction récente des pesticides en Europe, les plantes cultivées souffrent des maladies causées par des virus transmis par insectes. En particulier, le Pea Enation Mosaic Virus (PEMV), transmis par les pucerons, provoque de pertes de rendement dans les cultures de pois (*Pisum sativum*). Bien que certains génotypes résistants au PEMV aient été identifiés, les gènes de résistance ne sont pas identifiés et le processus d'infection et les mécanismes de développement des symptômes ne sont pas compris. Récemment, le partenaire 1 a examiné une collection de 240 génotypes de *Pisum*, mené une étude d'association plein-génome (GWAS) et identifié un locus impliqué dans la résistance au puceron, *Acyrtosiphon pisum*, un ravageur du pois et le vecteur du PEMV. Ce travail a également montré qu'il n'y avait pas de gène de résistance à fort effet empêchant le puceron de se nourrir du pois; les pucerons sont susceptibles d'inoculer le virus à tous les génotypes. Pour identifier les gènes du pois impliqués dans la transmission des virus inoculés par les pucerons, leur multiplication et le développement des symptômes, nous évaluerons la propagation du PEMV inoculés par les pucerons et le développement des symptômes en utilisant la collection de 240 génotypes de pois et en réalisant plusieurs GWAS sur les différents phénotypes mesurés. De plus, nous évaluerons également les changements induits par le virus sur la biologie du pois en utilisant la transcriptomique, ainsi que sur la biologie des pucerons en étudiant leurs

performances et comportement alimentaire. Les gènes et les voies identifiés impliqués dans l'infection virale seront caractérisés par des analyses fonctionnelles. Le projet permettra d'identifier des gènes impliqués dans la résistance à différentes étapes de l'infection virale et contribuera à la compréhension des mécanismes de l'infection et de son effet sur les interactions plante-puceron.