

# Sélection de lignées d'orge (*Hordeum vulgare* L.) pour leur résistance au barley yellow dwarf virus (BYDV) et évaluation de leurs performances agronomiques

A. Najar, H. Ben Ghanem, S. Kumari, H. Sayed, S. Rezgui et M. Baum

**Résumé :** Le virus de la jaunisse nanisante de l'orge ou « barley yellow dwarf virus » (BYDV) est connu comme étant le virus le plus important se répandant sur les céréales. En Tunisie, les contaminations peuvent dépasser 40 % sur orge dans certaines régions. La sélection de génotypes résistants constitue le moyen le plus propice pour la lutte contre le BYDV. Ainsi, une sélection à partir de 10 populations d'orge F<sub>2</sub> fournis par le Centre International de Recherche Agricole dans les Zones Arides (ICARDA) dont certains parents sont porteurs du gène de résistance Yd<sub>2</sub>, a été entreprise. De la F<sub>2</sub> à la F<sub>5</sub>, 198 lignées avancées ont été sélectionnées pour leur résistance. Cette résistance a été évaluée, sur les plans symptomatique, sérologique et moléculaire par l'utilisation du marqueur Ylp (CAPS) associé au gène cible (Yd<sub>2</sub>). Une évaluation agronomique de ces lignées a été réalisée durant la campagne 2006–2007, à Béja (région subhumide) et au Kef (région semi-aride). Le choix particulièrement basé sur le rendement en grains a porté sur 25 lignées qui étaient toutes supérieures au cultivar sensible « Rihane » mais dont huit seulement dépassent l'autre cultivar sensible « Manel ». Parmi ces lignées, 16 pourraient être destinées à l'exploitation à double fin (grains et paille) alors que deux ont montré une souplesse d'adaptation à la fois aux conditions semi-arides et subhumides.

**Mots-clés :** orge, BYDV, sélection, résistance, performances agronomiques.

**Abstract:** Barley yellow dwarf virus (BYDV) is the most important virus affecting grain crops. Over 40% of barley grown in Tunisia may be contaminated in some regions. Selection of resistant genotypes is the best way to fight BYDV. Ten F<sub>2</sub> barley populations with some parents carrying the resistance gene Yd<sub>2</sub> provided by ICARDA have been the subject of a breeding program. In total 198 F<sub>2</sub> to F<sub>5</sub> advanced lines were selected for their resistance. The lines' resistance was evaluated at the symptomatic, serological, and molecular levels with the Ylp (CAPS) marker linked to the target gene (Yd<sub>2</sub>). The lines' agronomic performance was evaluated during the 2006–2007 crop year in Béja (a subhumid region) and Kef (a semi-dry region). Twenty-five lines were selected for their grain yield and all were superior to the susceptible cultivar “Rihane”, but only eight lines did better than the susceptible cultivar “Manel”. Sixteen of those lines could be grown for both grain and straw production, and two lines present adaptation capability to semi-dry and subhumid growing conditions. [Journal translation]

**Key words:** barley, BYDV, selection, resistance, agronomic performance.

## Introduction

En Tunisie, le secteur céréalier revêt une importance primordiale puisque ses produits contribuent de façon déterminante à l'équilibre alimentaire du pays et sont considérés comme produits stratégiques dans la

politique économique nationale. Néanmoins, les niveaux de production restent toujours tributaires des aléas climatiques et de la prolifération des maladies qui sévissent dans la plupart des régions. Parmi les stress biotiques, les maladies virales présentent une contrainte

Reçu le 27 mai 2016. Accepté le 14 septembre 2016.

**A. Najar et H. Ben Ghanem.** Institut National de la Recherche Agronomique de Tunisie, 1004 El Menzah, Tunisie.

**S. Kumari et M. Baum.** Centre International de Recherche Agricole dans les Régions Arides (ICARDA), P.O. Box 114/5055, Beyrouth, Liban.

**H. Sayed.** Institute of Molecular, Cell and Systems Biology, University of Glasgow, Glasgow G12 8QQ, Scotland.

**S. Rezgui.** Institut National Agronomique de Tunisie, 43 Avenue Charles Nicolle, 1082 EL Menzah, Tunisie.

**Auteur correspondant :** A. Najar (courriel : [asmanajara@yahoo.fr](mailto:asmanajara@yahoo.fr)).

Les droits d'auteur demeurent la propriété des auteurs ou de leur établissement. Il est possible d'obtenir (gratuitement dans la plupart des cas) l'autorisation de réutiliser du contenu en passant par [RightsLink](#).

**Tableau 1.** Croisements réalisés pour la sélection de lignées d’orge résistantes au BYDV-PAV (Source, ICARDA).

Croisement	Pedigree	Croisement
1 (311 × 198)	<b>ICB01-1108</b>	<b>Sutter*2/Numar/4/Baca’S/3/AC253//CI0887/CI05761/5/Lignée527/NK1272//JLB70-63</b>
2 (198 × 257)	<b>ICB01-0717</b>	<b>Lignée527/NK1272//JLB7063/5/BKFMaguelone1604/3/Apro//Sv.02109/Mari/4/Giza119</b>
3 (312 × 198)	<b>ICB01-1109</b>	<b>QB813-2/3/Lignée527/NK1272//JLB70-63</b>
4 (321 × 198)	<b>ICB01-1037</b>	<b>Martin/3/Lignée527/NK1272//JLB7063</b>
5 (324 × 198)	<b>ICB01-1040</b>	<b>Alanda-01/3/Lignée527/NK1272//JLB70-63</b>
6 (312 × 201)	<b>ICB01-1113</b>	<b>QB813-2/5/U.Sask.1766/Api//Cel/3/Weeah/4/Arar</b>
7 (312 × 200)	<b>ICB01-0699</b>	<b>QB813-2/4/Avt/Attiki//M-Att-73-33761/3/Aths/Lignée6866</b>
8 (312 × 199)	<b>ICB01-1112</b>	<b>QB813-2/4/Arar/PI386540//Giza121/Pue/3/Lignée527/Chn-01</b>
9 (312 × 202)	<b>ICB01-0707</b>	<b>QB813-2/3/Alanda//Lignée527/Arar</b>
10 (311 × 202)	<b>ICB01-1114</b>	<b>Sutter*2/Numar/4/Baca’S/3/AC253//CI0887/CI05761/5/Alanda//Lignée527/Arar</b>

majeure limitant l’expression des potentialités génétiques de la plupart des espèces et variétés cultivées. Plusieurs virus peuvent attaquer les céréales, parmi lesquels le virus de la jaunisse nanisante de l’orge ou *barley yellow dwarf virus* (BYDV) (famille des *Luteoviridae*). Ce virus est connu comme ayant une large distribution mondiale et possède toutes les caractéristiques des virus des végétaux les plus graves (Plumb 1983; Rochow et al. 1986) d’autant plus qu’il est transmis par pucerons. Il est considéré comme l’une des maladies virales à impact économique important sur les céréales (D’Arcy 1995; Svanella-Dumas et al. 2013). En effet, il serait responsable d’une perte annuelle de 1 à 3 % de la production céréalière à l’échelle internationale. Cette perte peut atteindre 20 à 30 % en cas d’épidémies dans certaines régions. L’orge et l’avoine sont les espèces les plus sensibles. En Tunisie, ce virus a été identifié sur blé et orge, mais avec une infection plus importante de l’orge qui peut dépasser 40 % en fonction des régions et des années avec une prévalence du BYDV-PAV par rapport aux BYDV-MAV, BYDV-SGV, BYDV-RMV et le CYDV-RPV (Najar et al. 2000; Makkouk et al. 2001; Najar 2009; Bouallegue et al. 2014).

L’utilisation des cultivars résistants constitue le moyen le plus pratique et le plus rentable pour la lutte contre le BYDV. Les améliorateurs Suneson (1955) ont identifié un gène récessif (Yd1), mais son utilisation dans les programmes d’amélioration a été limitée, car il ne conférerait qu’une résistance modérée. Un second gène majeur (Yd2) localisé sur le chromosome 3H, qui a été identifié par Schaller et al. (1964) en premier lieu chez des variétés d’orge éthiopiennes, puis sur d’autres variétés d’origines distinctes avait un intérêt certain dans les programmes d’amélioration génétique de l’orge (Schaller 1984; Collins et al. 1996; Habekuss et al. 2000; Ovesna et al. 2000; Riedel et al. 2011). En effet, ces programmes ont abouti à la création de variétés résistantes en Californie (USA) ainsi que dans d’autres pays (Sip et al. 2004; Kosova et al. 2008). L’objectif de notre travail fut la sélection de génotypes résistants au BYDV-PAV à partir de 10 populations en ségrégation issues de 10 croisements d’orge dont certains parents sont porteurs du gène de résistance Yd2. Une évaluation des

performances agronomiques des lignées sélectionnées a également été réalisée dans deux étages bioclimatiques subhumide et semi-aride au nord-ouest de la Tunisie.

## Matériels et Méthodes

### Sélection de lignées d’orges résistantes

La sélection de lignées résistantes au BYDV-PAV a été réalisée à partir de 10 populations en ségrégation (F2), issues de 10 croisements (tableau 1) réalisés à l’ICARDA (Alep, Syrie).

Les essais sont conduits depuis la campagne 2002–2003 (génération F2) jusqu’à la campagne 2005–2006 (génération F5) dans la station expérimentale de l’Institut de Recherche Agronomique de Tunisie à Béja (subhumide). La méthode de sélection adoptée est la sélection généalogique réalisée suivant le schéma classique tout en inoculant artificiellement les plantes de chaque génération.

L’inoculation artificielle est réalisée moyennant l’utilisation d’une souche tunisienne de BYDV-PAV caractérisée et transmise par pucerons. La multiplication du puceron (*Rhopalosiphum padii*) vecteur est réalisée d’après la méthode décrite par Comeau (1984).

Pour l’acquisition du virus, les populations de *R. padii* obtenues sont mises pendant 24 à 48 h sur des plantules de la variété Tunisienne d’orge Manel infectées par la souche BYDV-PAV. Après un jour à jeun, les pucerons virulifères sont collectés et transférés pour l’inoculation des plantes de l’essai. La transmission se fait au stade 2 à 3 feuilles après avoir mis une moyenne de 5 pucerons par plante. Au bout de 48 h un traitement insecticide est appliqué. Le contrôle de la réussite de l’inoculation se fait par le test sérologique tissue-blot immunoassays (TBIA) d’après la méthode de Makkouk et Kumari (1996) 15 j après inoculation utilisant un anticorps polyclonal anti-BYDV fourni par le laboratoire de virologie de l’ICARDA.

Au cours de la génération F2 (2002–2003), chaque population est semée sur 4 lignes de 5 m espacées de 50 cm avec une densité de semis de 2 plantes par m.

Au niveau de la génération F3 (2003–2004), les grains sont semés en deux lignes jumelées de 1 m de long,

espacées de 25 cm à raison de 30 grains par ligne. Les plantes sont récoltées individuellement et les grains de chaque plante sont semés l'année d'après comme une famille d'orge F4. La même méthodologie est adoptée pour générer la génération F5 évaluée au cours de la campagne 2005–2006. Cette génération est récoltée en masse puisque l'évaluation a révélé une bonne stabilité de la résistance au BYDV-PAV et une homogénéité phénotypique satisfaisante des lignées de cette génération.

L'évaluation de la résistance est réalisée suivant trois types de test : sérologique, symptomatique et moléculaire.

#### Sérologie

Les plantes de chaque génération sont évaluées pour la résistance au BYDV-PAV au moyen du test ELISA DAS (Bioreba, Suisse). La concentration du virus est estimée par les densités optiques obtenues par ELISA (Clark et Adams 1977).

Ces tests ont été préalablement normalisés en déterminant le nombre de jours (après inoculation) à partir duquel la multiplication du virus devenait détectable dans les tissus végétaux des cultivars résistants. La réaction des cultivars sensibles a servi de témoin.

La normalisation est effectuée dans les conditions du champ en utilisant des variétés sensibles (Manel, Rihane, Martin, Momtaz et Cyclon) et des cultivars résistants (QB813-2 et Sutter\*2/Numar/4/Baca'S/3/AC253//CI0887/CI05761). Ces derniers sont, en effet, porteurs du gène de résistance Yd2 et représentent deux principaux parents impliqués dans les croisements utilisés. Une quinzaine de plantules ont été inoculées par génotype au stade de 2 à 3 feuilles. Le nombre de jours recherché qui devrait correspondre au début de la multiplication virale chez les plantes résistantes est déterminé en faisant les tests ELISA, par prélèvement au niveau de la partie aérienne de chaque plante, après 2, 4, 6, 8 et 10 jours d'inoculation. Les densités optiques moyennes relatives aux plantules de chaque variété ont été représentées en fonction du temps.

#### Symptomatologie

Les symptômes d'attaque au niveau des plantes par le virus sont évalués à l'aide de l'échelle décrite par Qualset (1984) et allant de 0 à 9.

#### Tests moléculaires

La sélection des plantes montrant une certaine résistance au BYDV-PAV suite aux tests sérologiques et symptomatiques, est complétée par un criblage basé sur l'utilisation du marqueur moléculaire Ylp-CAPS associé au gène cible Yd2. Le suivi de la ségrégation de ce marqueur de la génération F2 à la génération F5, est mis en évidence moyennant la technique de la Réaction en chaîne par polymérase (PCR) (Ford et al. 1998). Ce test

permet de vérifier l'existence d'une relation entre les résultats des deux premières techniques et la présence éventuelle du gène de résistance Yd2. Des extractions d'ADN par la méthode au NaOH conformément à Wang et Gray (1993), ont été réalisées à partir des feuilles de plantes retenues. Ces extractions sont suivies d'amplifications par PCR du marqueur Ylp-CAPS moyennant l'utilisation d'une paire d'amorces spécifiques Ylp-MF : AATACAGGAATCTGTTGAAAGAA et Ylp-RAS : CTAG TATCTCTGGCTCAG. Ces amorces permettent d'amplifier une séquence d'environ 268 pb (Ford et al. 1998).

Le mélange réactionnel est constitué de 25 µL par échantillon contenant : 250 ng ADN, 0,25 µM amorce YlpRAS et 0,25 µM amorce YlpMF, 1,25 mM pour chaque dNTP, 5 mM MgCl<sub>2</sub> et 0,5U de l'enzyme Taq polymérase (Invitrogen). Le programme PCR utilisé pour l'amplification des amorces comporte : 30 cycles avec trois étapes chacun : dénaturation à 94 °C pendant 1 min, suivi d'une hybridation des amorces 50 °C pendant 2 min et enfin extension à 72 °C pendant 3 min. Les produits d'amplification sont analysés sur un gel d'agarose à 2 % puis révélés par le bromure d'ethidium (400 µg mL<sup>-1</sup>) et visualisés sous lumière UV.

#### Évaluation des performances agronomiques des lignées résistantes au BYDV-PAV

##### Sites et dispositif expérimental

Le matériel végétal utilisé est constitué de 198 lignées avancées d'orge en F6 sélectionnées pour leur résistance au BYDV-PAV.

Les essais ont été conduits durant la campagne 2006–2007 dans les stations expérimentales de l'Institut National de la Recherche Agronomique de Tunisie (INRAT), appartenant à deux étages climatiques différents : à Béja (région subhumide) et au Kef (région semi-aride supérieur). Les essais ont été réalisés selon un dispositif en blocs incomplets tel que formulé par Scott et Milliken (1993). Ce dispositif permet d'accommoder un nombre important de lignées. Ces sélections sont allouées à des blocs d'une manière aléatoire de telle façon que chaque lignée figure une et une seule fois par bloc, et que seuls les cultivars témoins sont répétés et randomisés d'une manière aléatoire dans chaque bloc.

Les populations en F6 ont été réparties sur quatre blocs. Les variétés témoins comprennent les cultivars d'orge les plus cultivés en Tunisie (Manel, Rihane et Martin) ainsi que Momtaz (sélection INRAT non encore inscrite). L'unité expérimentale est composée de six lignes de 2 m de long espacées de 25 cm. La dose de semis est de 120 kg ha<sup>-1</sup> équivalente à celle utilisée dans la région par les agriculteurs en grandes cultures.

##### Paramètres mesurés

L'évaluation des paramètres agronomiques a été effectuée sur un quadra de 1 m<sup>2</sup> au niveau de chaque unité expérimentale sauf pour la biomasse (BM) et le

rendement en grains (RG) qui sont réalisés sur 2 m<sup>2</sup>. Les paramètres étudiés sont : la levée (L), le tallage herbacé (TH), le nombre de talles par plante (TPL), le nombre d'épis (EP), le nombre de talles fertiles (TF) qui correspond à la proportion d'EP par le nombre de talles herbacées, la date d'épiaison (DEP) qui exprime le nombre de jour entre le semis et 50 % d'épiaison, la hauteur des plantes (H), la BM, le RG, le poids de mille grains (PMG) et l'indice de récolte (IR).

**Analyses statistiques**

L'analyse de variance été effectuée selon le modèle suivant :

$$y_{ij(k)} = u + S_i + B_j(S_i) + G_k + (G \times S)_{kj} + \varepsilon_{ik(j)}$$

avec : S<sub>i</sub> : l'effet du site, B<sub>j</sub>(S<sub>i</sub>) : l'erreur expérimentale pour comparer l'effet des sites, G<sub>k</sub> : l'effet des génotypes, (G × S)<sub>kj</sub> : l'interaction génotype par site, ε<sub>ik(j)</sub> : l'erreur expérimentale qui permet de comparer les effets des génotypes G et l'interaction.

Les erreurs B<sub>j</sub>(S<sub>i</sub>) et ε<sub>ik(j)</sub> sont estimées en utilisant les témoins répétés dans chaque bloc.

Pour pouvoir comparer les lignées par rapport aux témoins, les sommes des carrés des écarts des différents paramètres ont été réparties en somme des carrés des écarts associés aux témoins, aux lignées et un contraste orthogonal permettant de comparer ces lignées par rapport aux témoins. L'analyse de variance a été réalisée en utilisant la procédure GLM du logiciel SAS (9.1) avec l'option PDIF. Les moyennes des lignées ajustées à l'effet bloc ont été utilisées pour sélectionner les lignées élites en se basant sur la plus petite différence (augmentation) significative (PPAS). PPAS = t<sub>(ddle ; 0,05)</sub> × S<sub>vc</sub>, avec t<sub>(ddle ; 0,05)</sub> = 1,782 et S<sub>vc</sub> est l'écart type pour comparer la différence entre la moyenne ajustée d'une lignée et un témoin quelconque.

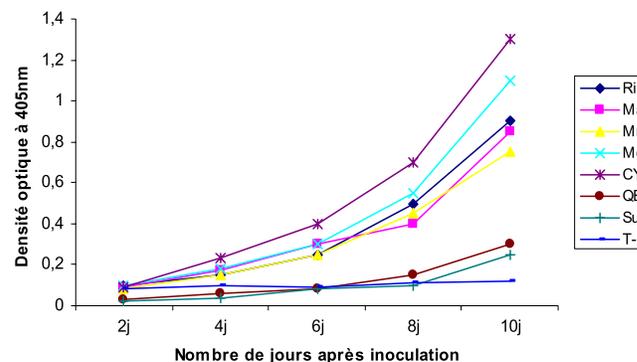
**Résultats et Discussion**

**Normalisation des tests sérologiques**

Le test sérologique ELISA -DAS est normalisé en inoculant la souche BYDV-PAV au stade 2 à 3 feuilles à des génotypes résistants et d'autres sensibles en suivant la concentration du virus dans la partie aérienne de la plante. Le but est de réaliser une sélection précise des individus résistants au niveau du matériel en ségrégation. Les résultats du test sont représentés à la figure 1.

Les densités optiques enregistrées pour les cultivars résistants QB 813-2 et Sutter\*/Numar/4/Baca'S/3/AC253//CI08887/CI05761 restent faibles même 10 jours après inoculation et sont comparables au témoin non inoculé (Manel). Ce résultat suggère qu'il n'y a pas encore de multiplication conséquente du virus dans les plantes. Cependant, chez les cultivars sensibles (Manel, Rihane, Momtaz, Martin et Cyclon), la concentration du virus dans les plantes tend à augmenter à partir du 6<sup>e</sup> jour, et

**Fig. 1.** Densité optique estimée par test ELISA à partir de génotypes résistants (QB, 813-2 ; Su, Sutter\*/Numar/4/ Baca'S/3/AC253//CI08887/CI05761) et de génotypes sensibles (Ri, Rihane ; Ma, Manel ; Mo, Momtaz ; Cy, Cyclon ) d'orge inoculés par la souche BYDV-PAV T. (T-) : Témoin non inoculé (Manel). [Couleur en ligne]



**Tableau 2.** Nombre de plantes individuelles sélectionnées en F4 pour chaque croisement : par sérologie (S), par symptomatologie (SY) et par la présence du Yd2 (+Yd2).

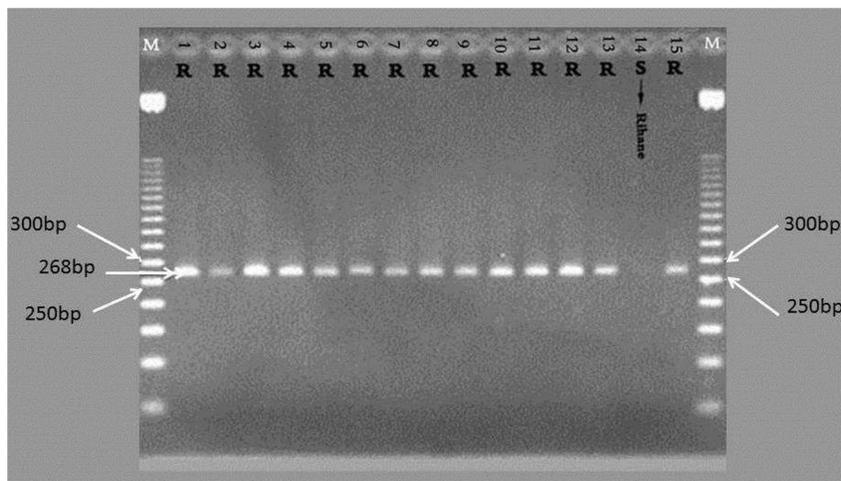
N°	Croisement	S	SY	+Yd2
1	311 × 198	90	85	76
2	198 × 257	62	58	52
3	312 × 198	14	13	13
4	321 × 198	7	7	7
5	324 × 198	8	6	2
7	312 × 200	6	5	4
8	312 × 199	26	23	22
9	312 × 202	13	12	11
10	311 × 202	13	11	11
<b>Total</b>		<b>239</b>	<b>220</b>	<b>198</b>

atteint des densités optiques qui dépassent cinq à six fois celles du témoin négatif au 10<sup>e</sup> jour (fig. 1).

Cette lenteur de multiplication du virus dans la plante au niveau des cultivars résistants pourrait être expliquée par le mode d'action du virus. En effet, le virus pénètre au niveau d'une blessure et la décapsidation est réalisée à l'intérieur de la cellule. Les protéines virales assurent l'amplification du génome viral qui s'accumule sous forme libre ou encapsidée. L'une ou l'autre de ces formes sera exportée dans les cellules voisines par transport au niveau du plasmodesme. Le blocage du passage du génome viral dans les cellules de la plante serait un aspect de résistance au virus (Ponz et Bruening 1986).

Les différences trouvées entre cultivars sensibles et résistants sont semblables à celles décrites par Makkouk et al. (1994) et Sip et al. (2006), mais avec un décalage dans les vitesses de multiplication du virus. Ceci pourrait être expliqué par la nature de la souche et les conditions de l'essai.

**Fig. 2.** Analyse sur gel d'agarose 2 % révélé au bromure d'éthidium (BET) des produits de l'amplification par réaction en chaîne de la polymérase (PCR) de l'ADN génomique de différentes plantes sélectionnées pour leur résistance (+Yd2) au BYDV-PAV-T de la génération F4. M, marqueur moléculaire de taille 50 pb ; pistes 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12 et 13, amplification de la bande 268 pb montrant la présence du gène Yd2 dans des plantes de la génération F4 du croisement (312 × 199) : (QB813-2/4/Arar/PI386540//Giza121/Pue/3/Lignée527/Chn-01) ; piste 14, témoin négatif extrait à partir d'une plante du cultivar Rihane connu pour sa sensibilité au BYDV et ne montrant aucune bande ; piste 15, témoin positif, extrait à partir d'une plante issue du parent QB 813-2 (312) porteur du gène de résistance Yd2.



#### Effectifs des lignées sélectionnées résistantes au BYDV-PAV

Les méthodes sérologiques normalisées ont permis de retenir, tous croisements confondus, respectivement 65 plantes individuelles en F2, 117 en F3 et 239 en F4 (tableau 2).

L'évaluation symptomatique de la résistance basée sur l'échelle de Qualset (1984) et la méthode de Comeau (1984) qui ne considère résistantes que les plantes dont le score ne dépassant pas 2 (avec 0 correspondant à « pas de symptômes visibles », 1 à « plante est vigoureuse présentant des traces de jaunissement au bout de certaines feuilles » et 2 à « jaunissement des feuilles avec une plus grande proportion des zones décolorées par rapport à l'échelle 1 ») a permis de retenir aux environs de 92 % des plantes parmi celles retenues par sérologie, et ce pour l'ensemble des générations successives et issues des croisements différents. L'évaluation par PCR moyennant l'utilisation du marqueur Ylp (CAPS) a permis de sélectionner, au niveau de chaque génération, uniquement les individus renfermant le gène de résistance Yd2 (fig. 2) soit un total de 198 lignées issues essentiellement des croisements 311 × 198, 198 × 257 et à moindre fréquence le reste des croisements (tableau 2).

Ce tri sévère, basé sur la symptomatologie fait au niveau de toutes les générations, garantirait au mieux l'obtention de lignées résistantes même si parfois des génotypes intéressants sont écartés. Ceci est surtout vrai lorsque le criblage a été réalisé moyennant l'utilisation du marqueur moléculaire Ylp lié spécifiquement au gène de résistance Yd2. Dans ce cas, des lignées pouvant

contenir d'autres gènes tels qu'Yd3 identifié par Niks et al. (2004) pourraient être éventuellement éliminées.

Il est important de signaler que d'après Collins et al. (1996), le gène Yd2 contrôlerait la résistance vis-à-vis des BYDV-PAV et BYDV-MAV (Niks et al. 2004). Ainsi, les lignées que nous avons obtenues, bien que sélectionnées vis-à-vis du virus BYDV-PAV, seraient également résistantes au BYDV-MAV identifié également dans nos champs d'orge (Makkouk et al. 2001; Bouallegue et al. 2014; Najar et Hamdi 2014).

Le recours à cet ensemble de tests est justifié par la complexité de la résistance chez l'orge qui aurait posé quelques problèmes lors de l'évaluation de matériel tolérant en passant d'une région géographique à l'autre (Schaller 1984; Makkouk et al. 2002).

Les raisons exactes de ces anomalies restent inconnues, mais les hypothèses émises suggèrent que de telles réactions seraient liées à des interactions génotype × souche virale ou génotype × environnement (Niks et al. 2004).

#### Évaluation agronomique des lignées d'orge sélectionnées pour leur résistance au BYDV-PAV

Les 198 lignées d'orge sélectionnées pour leur résistance au BYDV-PAV sont évaluées pour leurs performances agronomiques dans les étages climatiques semi-aride au Kef et subhumide à Béja (nord-ouest de la Tunisie). La comparaison a été réalisée par rapport aux témoins « Manel et Rihane » les plus performants. L'analyse de la variance montre que seul le PMG n'est pas exclusivement influencé par l'effet site mais contrôlé par l'effet interaction (génotype\*site) ( $P < 0,05$ )

**Tableau 3.** Carrés moyens de la levée (L), du nombre de talles herbacées par m<sup>2</sup> (TH), du nombre de talles par plante (TPL), de la durée à l'épiaison (DEP), de la hauteur de plante (H), du nombre d'épis par m<sup>2</sup> (EP), du taux de talles fertiles (TF), de la biomasse (BM), du rendement en grains (RG), du poids de mille grains (PMG) et de l'indice de récolte (IR).

S.V	Ddl	L	TH	TPL	DEP (j)	H (cm)	EP	TF	BM (qx ha <sup>-1</sup> )	RG (qx ha <sup>-1</sup> )	PMG (g)	IR (%)
S	1	23983,33**	15510359,26**	227,38**	1480,78**	18626,15**	1272041,07**	3,534**	185858,67**	32173,55**	3,51 <sup>ns</sup>	353,44*
B(S)	4	1325,46	17666,46	0,26	0,92	50,08	2129,29	0,007	266,58	143,65	2,85	36,33
G	201	503,70*	11950,33**	0,33**	16,99**	68,36*	4032,05 <sup>ns</sup>	0,009 <sup>ns</sup>	552,34*	154,57**	15,55**	36,33**
T	3	321,44 <sup>ns</sup>	5418,71 <sup>ns</sup>	0,06 <sup>ns</sup>	25,44**	66,11 <sup>ns</sup>	13858,04*	0,013 <sup>ns</sup>	714,79 <sup>ns</sup>	895,79 <sup>ns</sup>	8,69*	288,45*
Lg	197	506,02*	11599,15**	0,33**	15,04**	68,24*	3851,43 <sup>ns</sup>	0,009 <sup>ns</sup>	542,33*	142,76*	15,54**	32,67 <sup>ns</sup>
T vs Lg	1	592,89 <sup>ns</sup>	10072,67**	1,05**	376,37**	99,17 <sup>ns</sup>	10137,01 <sup>ns</sup>	0,010 <sup>ns</sup>	2036,85**	257,22**	37,3**	1,23 <sup>ns</sup>
Gx x S	201	538,62*	9068,96*	0,32**	13,60**	50,54 <sup>ns</sup>	3931,69 <sup>ns</sup>	0,010 <sup>ns</sup>	298,99 <sup>ns</sup>	49,81 <sup>ns</sup>	6,09*	19,11 <sup>ns</sup>
T x S	3	378,33 <sup>ns</sup>	4004,93 <sup>ns</sup>	0,00 <sup>ns</sup>	18,11**	45,00 <sup>ns</sup>	4243,38 <sup>ns</sup>	0,001 <sup>ns</sup>	69,36 <sup>ns</sup>	17,83 <sup>ns</sup>	9,95*	23,00 <sup>ns</sup>
Lg x S	197	540,67*	8976,33*	0,33**	12,35**	50,52 <sup>ns</sup>	3 943,22 <sup>ns</sup>	0,010 <sup>ns</sup>	303,86 <sup>ns</sup>	50,54 <sup>ns</sup>	6,05*	19,09 <sup>ns</sup>
S x (TvsLg)	1	615,33 <sup>ns</sup>	42508,75**	0,28*	246,50**	72,54 <sup>ns</sup>	725,65 <sup>ns</sup>	0,025 <sup>ns</sup>	29,02 <sup>ns</sup>	1,39 <sup>ns</sup>	2,41 <sup>ns</sup>	11,39 <sup>ns</sup>
Erreur	12	204,35	2917,90	0,04	2,19	24,14	2710,63	0,007	208,56	31,38	2,26	8,84

**Note:** S, effet site; B(S), effet bloc à l'intérieur du site; G, effet génotype; T, effet témoin; Lg, effet lignée; G x S, effet interaction génotype et site; T x S, effet interaction témoin et site; Lg x S, effet interaction lignée et site; S x (TvsLg), effet interaction site et témoin.

\*, \*\*, \*\*\* Différences significatives au seuil de P < 0,05 et P < 0,01 respectivement.

(tableau 3). Ceci est en concordance avec les travaux de Benbelkacem et Kellou (2000) ainsi que Oudjani (2009), qui ont montré que le PMG est fortement lié aux effets de l'environnement au moment de la formation et du remplissage des grains. Par ailleurs, l'analyse statistique au seuil de 1 % a révélé que ce même paramètre est également contrôlé par le génotype. Ceci pourrait être expliqué par les travaux de Grennan (2006) qui rapporte que dans des conditions environnementales optimales le PMG devient dépendant de la capacité d'une céréale donnée à accumuler les substances de réserves.

Le résultat illustré dans le Tableau 3 montre que tous les paramètres agronomiques, abstraction faite du PMG, sont significativement dépendants de l'environnement (P < 0,01) comme cela était rapporté par les travaux de Hittalmani et al. (2003). Si on prend en considération l'effet génotype, tous les paramètres excepté le TF et l'EP dépendent de la réponse variétale.

L'interaction significative des génotypes et les conditions de l'environnement (P < 0,05) pour l'ensemble de ces caractères montrent une prépondérance remarquable de l'effet des lignées. Le contraste S x (TvsLg) est significatif pour TH, TPL et DEP uniquement.

Les moyennes des paramètres agronomiques des lignées avancées sélectionnées à Béja et au Kef sont décrites aux Tableaux 4 et 5. La proportion des lignées avancées sélectionnées par rapport au témoin supérieur (Manel) a été notée au Kef pour les caractères TH, DEP, BM, RG et IR. Ce pourcentage est plus grand à Béja pour les paramètres phénologiques (H, génotype G, TPL) et les composantes de rendement (EP, TF et PMG). Pour l'ensemble des caractères confondus, la proportion des lignées avancées évaluées à Béja par rapport au meilleur témoin Manel est plus élevée que celle notée au Kef (tableaux 6 et 7).

Les moyennes du rendement en grains obtenu au Kef aussi bien que celles des autres paramètres agronomiques sont généralement plus élevées que les valeurs notées à Béja comparées aux témoins Manel et Rihane (tableaux 4 et 5). Ce résultat est expliqué par les conditions climatiques de la région du Kef à hiver froid, enregistrant une température minimale en janvier de 2,9 °C accompagnée d'une pluviométrie importante atteignant 164 mm (tableau 8), qui semblent avoir induit un tallage plus élevé et par conséquent une bonne production en BM et en grains. Par contre, la région de Béja, caractérisée par des pluies abondantes et des températures élevées en janvier, février et mars, semble avoir induit un développement des maladies foliaires qui s'est traduit par une diminution relative de l'ensemble des caractères agronomiques comme rapporté par Nasraoui et al. (2003).

#### Origine des lignées sélectionnées

Les lignées supérieures aux deux cultivars de grandes cultures Manel et Rihane à Béja et au Kef pour les caractères agronomiques les plus importants

**Tableau 4.** Moyennes des paramètres agronomiques : levée (L), nombre de talles herbacées (TH), nombre de talles par plante (TPL), durée à l'épiaison (DEP), hauteur de plante (H), nombre d'épis. (EP), taux de talles fertiles (TF), biomasse (BM), rendement en grains (RG), poids de mille grains (PMG) et indice de récolte (IR) des cultivars témoins et des lignées avancées sélectionnées en fonction de la plus petite différence (augmentation) significative (PPAS > 0,05) au seuil de  $P < 0,05$  dans le site de Béja.

	L	TH (m <sup>-2</sup> )	TPL (m <sup>-2</sup> )	DEP (j)	H (cm)	EP (m <sup>-2</sup> )	TF (m <sup>-2</sup> )	BM (q ha <sup>-1</sup> )	RG (q ha <sup>-1</sup> )	PMG (g)	IR
Témoins	144,43	451,50	3,20	92,17	101,37	308,22	0,69	109,02	39,49	39,43	36,02
Rihane	157,33	512,33	3,27	89,67	106,67	319,33	0,62	124,33	49,55	38,24	39,89
Manel	150,33	507,00	<b>3,38</b>	<b>94,33</b>	95,00	<b>346,33</b>	0,68	<b>129,17</b>	<b>53,03</b>	36,65	<b>41,14</b>
Sel-témoins	175,20	558,63	3,79	95,85	109,10	351,12	0,87	133,02	51,67	43,14	42,77
Sel-Rihane	183,61	595,47	3,84	94,29	113,01	360,65	0,81	145,77	58,55	45,93	47,10
Sel-Manel	179,93	592,33	3,95	96,67	104,96	382,28	0,85	0,00	62,38	41,26	48,25
<b>PPAS</b>	<b>18,09</b>	<b>68,01</b>	<b>0,24</b>	<b>1,87</b>	<b>1,87</b>	<b>6,19</b>	<b>0,11</b>	<b>18,20</b>	<b>7,06</b>	<b>1,89</b>	<b>3,75</b>

**Tableau 5.** Moyennes des paramètres agronomiques : levée (L), nombre de talles herbacées par m<sup>2</sup> (TH), nombre de talles par plante (TPL), durée à l'épiaison (DEP), hauteur de plante (H), nombre d'épis par m<sup>2</sup> (EP), taux de talles fertiles (TF), biomasse (BM), rendement en grains (RG), poids de mille grains (PMG) et indice de récolte (IR) des cultivars témoins et des lignées avancées sélectionnées en fonction de la plus petite différence (augmentation) significative (PPAS > 0,05) au seuil de  $P < 0,05$  dans le site du Kef.

	L	TH (m <sup>-2</sup> )	TPL (m <sup>-2</sup> )	DEP (j)	H (cm)	EP (m <sup>-2</sup> )	TF (m <sup>-2</sup> )	BM (q ha <sup>-1</sup> )	RG (q ha <sup>-1</sup> )	PMG (g)	IR
Témoins	190,33	948,67	5,01	89,50	118,67	446,00	0,47	162,04	60,29	38,03	36,95
Rihane	185,33	928,00	5,01	89,00	118,00	430,67	0,47	159,17	64,32	40,49	40,25
Manel	<b>196,00</b>	<b>990,67</b>	<b>5,08</b>	<b>90,00</b>	<b>119,33</b>	<b>542,67</b>	<b>0,55</b>	<b>179,17</b>	<b>73,45</b>	37,87	<b>40,96</b>
Sel-témoins	230,07	1112,98	5,70	92,13	129,92	557,74	0,63	195,09	73,85	42,66	45,16
Sel-Rihane	225,77	1099,12	5,70	92,13	129,70	537,00	0,62	192,72	77,43	44,65	45,36
Sel-Manel	235,82	1130,53	5,78	92,21	130,89	649,00	0,74	209,03	82,34	42,61	45,79
<b>PPAS</b>	<b>18,09</b>	<b>68,01</b>	<b>0,24</b>	<b>1,87</b>	<b>6,19</b>	<b>65,60</b>	<b>0,11</b>	<b>18,20</b>	<b>7,06</b>	<b>1,89</b>	<b>3,75</b>

**Tableau 6.** Proportion (%) des lignées avancées sélectionnées par rapport à la moyenne des témoins (sel-témoins), Rihane (sel-Rihane) et Manel (sel-Manel), dans le site de Béja.

	L	TH	TPL	DEP	H	EP	TF	BM	RG	PMG	IR
Sel-témoins	24,2	21,2	33,3	2,0	35,9	40,9	16,2	16,2	33,8	28,3	27,3
Sel-Rihane	11,6	4,5	29,3	9,0	13,6	34,8	33,8	1	2,5	40,4	8,1
Sel-Manel	<b>16,7</b>	5,6	<b>21,2</b>	4,0	<b>71,2</b>	<b>18,2</b>	<b>20,7</b>	0,0	0,5	<b>63,8</b>	5,6

**Tableau 7.** Proportion (%) des lignées avancées sélectionnées par rapport à la moyenne des témoins (sel-témoins), Rihane (sel-Rihane) et Manel (sel-Manel) dans le site du Kef.

	L	TH	TPL	DEP	H	EP	TF	BM	RG	PMG	IR
Sel-témoins	19,2	9,0	16,2	14,6	12,1	11,6	18,2	12,1	18,2	51,0	11,6
Sel-Rihane	23,2	11,1	16,2	14,6	12,6	18,6	22,7	14,1	10,6	22,2	10,1
Sel-Manel	14,6	<b>7,6</b>	13,6	<b>12,1</b>	10,1	1,0	3,0	<b>4,0</b>	<b>3,5</b>	51,5	<b>7,1</b>

(EP, BM, RG et IR ; et H pour le Kef seulement) sont issues essentiellement des croisements 311 × 198, 198 × 257 et à moindre fréquence 312 × 199 et 312 × 198 (tableau 2).

L'amélioration de l'orge devrait prendre en considération aussi bien la production d'une BM importante qu'une bonne production en grains (El Felah et al. 2015). Ces deux critères sont

déterminants pour les céréaliculteurs et éleveurs des régions du semi-aride. Dans ce contexte, les lignées potentielles caractérisées par un rendement en paille (BM) et en grains (RG) significativement supérieurs aux cultivars d'orge de grandes cultures (Rihane et Manel) sont illustrées aux tableaux 7 et 8 respectivement pour les régions du Kef et de Béja.

**Tableau 8.** Données mensuelles de la pluviométrie (P) et des températures minimales et maximales (Tmin, Tmax) pour les régions de Béja et de Kef au cours de la campagne l'année 2006–2007.

Mois	Béja			Kef		
	P (mm)	Tmin (° C)	Tmax (° C)	P (mm)	Tmin (° C)	Tmax (° C)
Septembre	31,5	17,09	31,97	15,2	16,86	29,03
Octobre	23,9	14,39	29,34	21,2	15,21	26,85
Novembre	21,9	9,44	22,07	39,4	10,31	16,89
Décembre	108,2	7,21	15,78	67,6	5,83	12,95
Janvier	21,4	5,95	<b>17,75</b>	<b>163,8</b>	<b>2,9</b>	10,1
Février	60,1	7,06	<b>17,66</b>	44,2	4,3	10,2
Mars	137,9	6,41	<b>18,56</b>	36,2	5,1	16,6
Avril	64,6	9,86	22,11	23,4	9,7	23,6
Mai	17,8	11,91	26,40	28,8	13,6	28,4
Juin	12,4	16,16	33,90	2,6	14	35,8
Pl. totale	<b>499,7</b>			<b>442,4</b>		

**Tableau 9.** Lignées sélectionnées (dans l'ordre décroissant) supérieures à Manel ou Rihane pour le rendement en grains (RG) et la biomasse (BM) dans le site du Kef.

	RG	BM
Manel	9, 149, 157, 141, 122, 123, 133, 138	133, 7, 8, 122, 6, 3, 9, 137
Rihane	9, 149, 157, 141, 122, 123, 133, 138 145, 137, 31, 135, 147, 7, 75, 134, 3, 117, 143, 155, 21, 118	133, 7, 8, 122, 6, 3, 9, 137, 141, 124, 5, 75, 135, 138, 1, 157, 4, 159, 21, 18, 160, 149, 29, 60, 145, 132, 130, 143

**Tableau 10.** Lignées sélectionnées (dans l'ordre décroissant) supérieures à Manel et Rihane pour le rendement en grains (RG) et la biomasse (BM) dans le site de Béja.

	RG	BM
Manel	8	Néant
Rihane	8, 122, 107, 123, 140	8, 107

### Au Kef (région semi-aride)

Ces résultats montrent que parmi les lignées prometteuses, on en distingue trois (122, 133 et 9) supérieures à Manel (meilleur témoin) pouvant être considérées pour une culture à double fin (grains et paille). En outre, les lignées 149, 157, 141, 123 et 138 devraient être considérées pour la production de grains uniquement ; alors que les lignées 7, 8, 6, 3, et 137 seraient orientées plus pour la production de paille.

Les lignées avancées supérieures à Rihane et destinées à une exploitation à double fin sont au nombre de 14, alors que 8 lignées seulement sont plutôt destinées au RG. Par ailleurs les lignées : 8, 6, 3, 124, 5, 1, 4, 159, 18, 160, 29, 60, 132 et 130 devraient être exploitées pour leur potentiel en paille (tableau 9).

### A Béja (subhumide)

Seule la lignée 8 est supérieure à Manel pour le RG, alors que 5 lignées se sont révélées plus performantes

que Rihane dont deux (8 et 107) pourraient être utilisés à double fin (grains et paille) (tableau 10).

Les lignées 122 et 123 semblent être associées à un potentiel de production de grains supérieur dans les conditions du subhumide de Béja par comparaison à Rihane, et du semi-aride du Kef par rapport aux deux témoins (Rihane et Manel) (tableaux 9 et 10).

D'autres investigations seront souhaitables concernant l'évaluation de la stabilité des rendements des lignées sélectionnées résistantes au BYDV et également en matière de qualité fourragère et de tolérance aux principales maladies foliaires d'origine fongique. Sur ce dernier point, il semble que la présence du gène Yd2 chez l'orge serait positivement corrélée avec une certaine tolérance de cette céréale à la rhynchosporiose (Smilde et al. 2000).

### Bibliographie

- Benbelkacem, A., et Kellou, K. 2000. Évaluation du progrès génétique chez quelques variétés de blé dur (*Triticum turgidum* L. var. *durum*) cultivées en Algérie. Pages 5–110 in C. Royo, M.M. Nachit, N. Di Fonzo, et J.L. Araus, eds. Durum wheat improvement in the Mediterranean region: new challenges. CIHEAM–IAMZ, Zaragoza, Spain.
- Bouallegue, M., Mezghani-Khemakhem, M., Bouktilley, D., Makni, H., and Makni, M. 2014. Molecular characterization of bar yellow dwarf virus in Tunisia. *Acta Virol.* 58: 214–222. doi:10.4149/av\_2014\_03\_214. PMID:25283855.
- Clark, M.F., and Adams, A.N. 1977. Characteristics of the microplate method of enzyme-linked immunosorbent assay for

- the detection of plant viruses. *J. Gen. Virol.* **34**: 475–483. doi:[10.1099/0022-1317-34-3-475](https://doi.org/10.1099/0022-1317-34-3-475). PMID:[323416](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/323416/).
- Collins, N.C., Paltridge, N.G., Ford, C.M., and Symons, R.H. 1996. The Yd2 gene for barley yellow dwarf virus resistance maps close to the centromere on the long arm of barley chromosome 3. *Theor. Appl. Genet.* **92**: 858–864. doi:[10.1007/BF00221898](https://doi.org/10.1007/BF00221898). PMID:[24166551](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/24166551/).
- Comeau, A. 1984. Aphid rearing and screening methods for resistance to barley yellow dwarf Virus in cereals. Pages 60–71 in P.A. Burnett, ed. *Proc. International Workshop on Barley Yellow Dwarf Virus*. CIMMYT, Mexico.
- D'Arcy, C.J. 1995. Symptomatology and host range of Barley yellow dwarf virus. Pages 9–28 in C.J. D'Arcy and P.A. Burnett, eds. *Barley Yellow Dwarf: 40 years of progress*. APS Press, St Paul, MN, USA.
- El Felah, M., Gharbi, M.S., Ben Ghanem, H., et Elloumi, M. 2015. Les céréales en Tunisie entre mythe et réalité. *Annales de l'INRAT, 2ème Numéro Spécial Centenaire*, **88**: 1–17.
- Ford, C.M., Paltridge, N.G., Rathjen, J.P., Moritz, R.L., Simpson, R.J., and Symons, R.H. 1998. Rapid and information assays for Yd2, the Barley yellow dwarf resistance gene, based on the nucleotide sequence of a closely linked gene. *Mol. Breed.* **4**: 23–31. doi:[10.1023/A:1009686932457](https://doi.org/10.1023/A:1009686932457).
- Grennan, A.K. 2006. Abiotic stress in rice. An “omic” approach. *Plant Physiol.* **140**: 1139–1141. doi:[10.1104/pp.104.900188](https://doi.org/10.1104/pp.104.900188). PMID:[1435800](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/1435800/).
- Habekuss, A., Kramer, I., Proeseler, G., and Pickering, R. 2000. Genetic and molecular characterization of virus resistance in winter barley. *Czech J. Gen. Plant Breed.* **36**: 79–83.
- Hittalmani, S., Huang, N., Courtois, B., Venuprasad, R., and Shashidhar, H.E. 2003. Identification of QTL for growth- and grain yield-related traits in rice across nine locations of Asia. *Theor. Appl. Genet.* **107**: 679–690. doi:[10.1007/s00122-003-1269-1](https://doi.org/10.1007/s00122-003-1269-1). PMID:[12920521](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/12920521/).
- Kosova, K., Chrpova, J., and Sip, V. 2008. Recent advances in breeding of cereals for resistance to barley yellow dwarf virus — a review. *Czech J. Gen. Plant Breed.* **44**(1): 1–10.
- Makkouk, K.M., Comeau, A., and St. Pierre, C.A. 1994. Screening for barley yellow dwarf luteovirus resistance in barley on the basis of virus movement. *J. Phytopath.* **141**: 165–172. doi:[10.1111/j.1439-0434.1994.tb01458.x](https://doi.org/10.1111/j.1439-0434.1994.tb01458.x).
- Makkouk, K., Ghulam, W., Baum, M., Cecarelli, S., and Grando, S. 2002. Use of PCR Markers to select Barley Yellow Dwarf virus resistant plants. *Proc. International Symposium on Barley Yellow Dwarf Disease: recent advanced and future strategies*. CIMMYT, El Batan, Mexico, 1–5 Sept. 2002. pp. 123–126.
- Makkouk, K.M., and Kumari, S.G. 1996. Detection of ten viruses by the tissue-blot immunoassays (TBIA). *Arab. J. Plant Prot.* **14**: 3–9.
- Makkouk, K.M., Najar, A., and Kumari, S.G. 2001. First record of Barley yellow dwarf and Cereal yellow dwarf viruses in Tunisia. *N. Dis. Rep.* **3**: 16. doi:[10.1046/j.1365-3059.2001.00629.x](https://doi.org/10.1046/j.1365-3059.2001.00629.x).
- Najar, A. 2009. Le virus de la jaunisse nanisante de l'orge. Importance, Caractérisation moléculaire et intégration dans la sélection de lignées d'orge résistantes. Thèse de Doctorat en Sciences Agronomiques. INAT, Université de Tunis, Tunisie. 240 p.
- Najar, A., and Hamdi, I. 2014. Barley yellow dwarf virus (BYDV) in Tunisia: distribution on barley crop and molecular characterization. 11th Arab Congress of Plant Protection, Amman, Jordany, 9–13 November 2014.
- Najar, A., Makkouk, K., Boudhir, H., Kumari, S.G., Zarouk, R., Bessai, R., and Ben Othman, F. 2000. Viral diseases of cultivated legume and cereal crops in Tunisia. *Phytopath. Mediter.* **39**: 423–432. doi:[10.1400/57875](https://doi.org/10.1400/57875).
- Nasraoui, B., Ben Hammouda, M., Boubaker, M., Ben Salem, O., and Shibayama, Y. 2003. Field screening of Bread Wheat and Barley Germplasm for resistance to some fungal diseases in the Kef semi-arid area of Tunisia. *Arab. J. Plant. Prot.* **2**: 166–170.
- Niks, R.E., Habekub, A., Bekele, B., and Orden, F. 2004. A novel major gene Yd3 on chromosome 6H for resistance of barley against the barley yellow dwarf virus. *Theor. Appl. Genet.* **109**: 1536–1543. doi:[10.1007/s00122-004-1777-7](https://doi.org/10.1007/s00122-004-1777-7). PMID:[15338133](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/15338133/).
- Oudjani, W. 2009. Diversité de 25 génotype de blé dur (*Triticum durum* Desf.) étude des caractères de production et d'adaptation. Thèse Magister, Constantine. 111 p.
- Ovesna, J., Vacke, J., Kucera, L., Chprova, J., Novakova, I., Jahoo, R.A., and Sip, V. 2000. Genetic analysis of resistance in barley to Barley yellow dwarf virus. *Plant Breed.* **119**: 481–486. doi:[10.1046/j.1439-0523.2000.00522.x](https://doi.org/10.1046/j.1439-0523.2000.00522.x).
- Plumb, R.T. 1983. Barley yellow dwarf virus-aglobal phloem. Page 222 in R.L. Plum and J.M. Tresh, eds. *Plant virus epidemiology*. Blackwell, London, UK.
- Ponz, F., and Bruening, G. 1986. Mechanism of resistance to plant viruses. *Ann. Rev. Phytopath.* **24**: 355–381. doi:[10.1146/annurev.py.24.090186.002035](https://doi.org/10.1146/annurev.py.24.090186.002035).
- Qualset, C.O. 1984. Evaluation and breeding methods for barley yellow dwarf resistance. *Proc. International Workshop on Barley Yellow Dwarf Virus*. CIMMYT, El Batan, Mexico, 1–5 Sept. 2002. pp. 72–82.
- Riedel, C., Habekuss, A., Schliephake, E., Niks, R., Broer, I., and Orden, F. 2011. Pyramiding of Ryd2 and Ryd3 conferring tolerance to a German isolate of Barley yellow dwarf virus-PAV (BYDV-PAV-ASL-1) leads to quantitative resistance against this isolate. *Theor. Appl. Genet.* **123**: 69–76. doi:[10.1007/s00122-011-1567-y](https://doi.org/10.1007/s00122-011-1567-y). PMID:[21416402](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/21416402/).
- Rochow, W.F., Muller, I., Tufford, L.A., and Smith, D.M. 1986. Identification of luteoviruses of small grains from 1981 through 1984 by two methods. *Plant Dis.* **70**: 461–464. doi:[10.1094/PD-70-461](https://doi.org/10.1094/PD-70-461).
- Schaller, C.W. 1984. The genetics of resistance to barley yellow dwarf virus in barley. *Proc. International Symposium on World perspectives on Barley yellow dwarf*. CIMMYT, El Batan, Mexico. pp. 93–99.
- Schaller, C.W., Qualset, C.O., and Rutger, J.N. 1964. Inheritance and linkage of the Yd2 gene conditioning resistance to Barley yellow dwarf disease in barley. *Crop Sci.* **4**: 544–548. doi:[10.2135/cropsci1964.001183X000400050034x](https://doi.org/10.2135/cropsci1964.001183X000400050034x).
- Scott, R.A., and Milliken, G.A. 1993. A SAS program for analyzing augmented randomized complete-block designs. *Crop. Sci.* **33**: 865–867. doi:[10.2135/cropsci1993.001183X003300040046x](https://doi.org/10.2135/cropsci1993.001183X003300040046x).
- Sip, V., Chrpova, J., Vacke, J., and Ovesna, J. 2004. Possibility of exploiting the Yd2 resistance to BYDV in spring barley breeding. *Plant Breed.* **123**: 24–29. doi:[10.1046/j.0179-9541.2003.00922.x](https://doi.org/10.1046/j.0179-9541.2003.00922.x).
- Sip, V., Sirolova, L., and Chrpova, J. 2006. Screening for barley yellow dwarf virus-resistant barley genotypes by assessment of virus content in inoculated seedlings. *J. Phytopath.* **154**: 336–342. doi:[10.1111/j.1439-0434.2006.01103.x](https://doi.org/10.1111/j.1439-0434.2006.01103.x).
- Smilde, W.D., Tekauz, A., and Graner, A. 2000. Development of a high resolution map for the Rh and Pt resistance on barley chromosome 3H. *Proc. 8th International Barley Genetics Symposium*, Adelaide University, South Australia. pp. 178–180.
- Suneson, C.A. 1955. Breeding for resistance to yellow-dwarf virus in barley. *Agron. J.* **47**: 283.
- Svanella-Dumas, L., Candresse, T., Hull, M., and Marais, A. 2013. Distribution of barley yellow dwarf virus-PAV in the subantarctic Kerguelen Islands and characterization of two new luteovirus species. *PLOS One.* **8**: 1–13. doi:[10.1371/journal.pone.0067231](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0067231). PMID:[23825645](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/23825645/).
- Wang, J.Y., and Gray, S.M. 1993. Immunological analysis of the structural proteins of barley yellow dwarf virus. *Phytopathology.* **83**: 1356.