

## Étude de souches du virus de la mosaïque du concombre (CMV) chez le melon en Tunisie et identification des génotypes résistants

Monia M'nari, Hager Jebari, Christine Cherif

**E**n Tunisie, les cultures les plus importantes de Cucurbitacées ont lieu en été en plein champ. Les maladies à virus du melon (*Cucumis melo* L.) sont les plus importantes. Les prospections réalisées en 1986 [1] et en 1987 [2] ont montré la présence des virus suivants : Watermelon Mosaic (WMV2), Cucumber Mosaic (CMV), Squash Mosaic (SqMV), Zucchini Yellow Fleck (ZYFV) Zucchini Yellow Mosaic (ZYMV) et Papaya Ringspot (PRSVw). Selon M'nari [2], le WMV2 s'est avéré être le virus le plus répandu pour lequel aucune résistance de haut niveau n'a été signalée tandis que le CMV et le SqMV occupent la seconde position. Le ZYMV et le PRSVw sont mis en évidence pour la première fois en Tunisie. Le virus de la mosaïque du concombre (CMV) est l'un des virus les plus répandus chez les plantes maraîchères ; il est très polyphage dans l'ensemble du bassin méditerranéen [3] et est responsable d'une importante baisse de rendements avec formation de symptômes, notamment d'inclusions liégeuses en fruits et en chair [4-6]. L'importance des attaques du CMV est tributaire des premiers vols de pucerons [6, 7].

Nous avons étudié les souches tunisiennes du virus de la mosaïque du concombre (CMV), ainsi que le comportement de certaines variétés tunisiennes vis-à-vis des souches « communes » du CMV présentes en Tunisie sur Cucurbitacées et nous avons recherché les génotypes résistants au CMV.

Au cours de l'été 1987, nous avons réalisé des prospections au nord et au centre de la Tunisie dans plusieurs champs de melons (*C. melo* L.) et de fakous (*C. melo* var. *flexuosus*). Les extraits de plantes virosées ont été inoculés à *Vigna sinensis* L. et à *Cucurbita pepo* L. au stade cotylédons bien développés, par la méthode de Risser

*et al.* [7]. Le clonage du CMV a été fait selon la méthode de Marrou *et al.* [8]. Le pourcentage d'échantillons infectés a été calculé et les isolats clonés ont fait l'objet d'une étude de classification biologique selon les normes de Marchoux [9] et de Lecoq et Pitrat [10]. Nous avons travaillé dans une serre climatisée pendant la période où la température est inférieure à 30° C, en utilisant des plantes très jeunes : 8 à 15 jours après le semis pour *V. sinensis* et les Cucurbitacées. La période de croissance active avant l'induction florale a été choisie pour le tabac. Les symptômes ont été notés les deux premières semaines sur les Cucur-

### Tableau 1

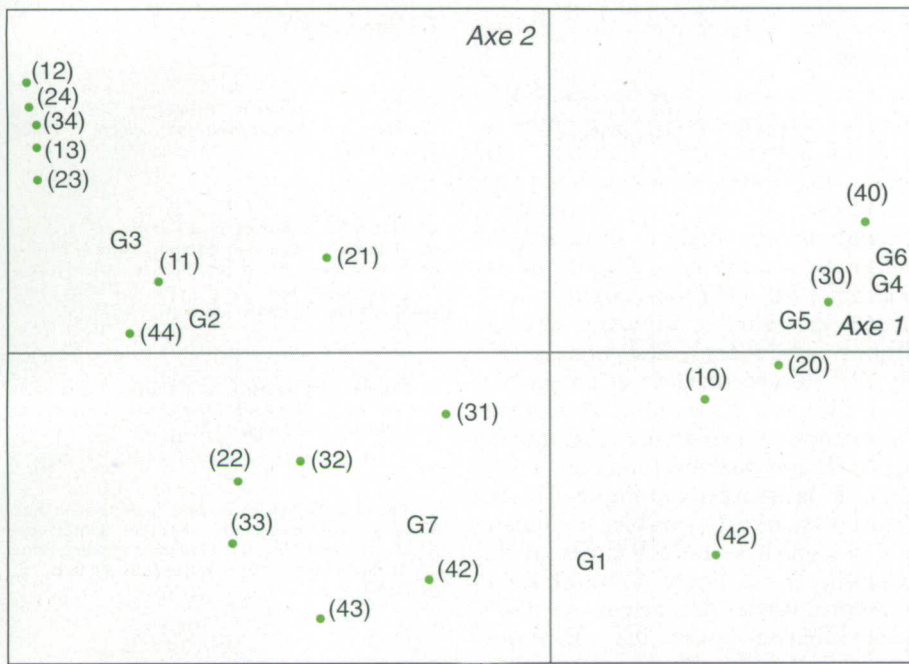
Effet de l'inoculation par le CMV sur le poids de la partie aérienne des variétés tunisiennes de melon et de fakous

Variétés	Poids moyen (g) ± ES		F ob	R2 (%)
	Témoins	Inoculés		
Béji	8,92 ± 0,91	4,55 ± 0,85	67,7	78
Fakous	6,93 ± 0,72	4,06 ± 0,71	67,6	78
Galaoui	6,88 ± 0,97	3,49 ± 0,71	135	98
Maazoul	7,13 ± 0,32	4,00 ± 0,81	43,49	70
Ariana 72	7,08 ± 0,77	3,66 ± 1,00	308	99

ES : erreur standard, F ob : test de Fisher, R2 : coefficient de détermination.

Effect of CMV inoculation on the weight of aerial parts of Tunisian muskmelon and fakous varieties

M. M'nari, H. Jebari, C. Cherif : Laboratoire de virologie, Laboratoire de cultures légumières, INRAT, 2080 Ariana, Tunisie.



Les génotypes : G1 : PI 225 478, G2 : Ssp *Agrestis sudofrica*, G3 : Ssp *Conoman vietnam*, G4 : PI 161 375, G5 : Ginsen makuwa, G6 : Freeman's cucumber, G7 : Kanro makuwa.  
 Les symptômes : (ij), i : numéro de l'observation, j : note affectée au symptôme observé.

**Figure 1.** Analyse des correspondances (88,6 %). Représentation des individus (génotypes) et des variables (symptômes).

**Figure 1.** Method of correspondence analysis (88.6 %). Representation of individuals (genotypes) and of variables (symptoms).

bitacées et sur *V. sinensis* et la troisième semaine sur les tabacs. Afin d'étudier le comportement des génotypes locaux vis-à-vis des souches de CMV de Tunisie, nous avons inoculé les variétés : Ariana 72 (melon de type charantais, adapté à la culture de primeur sous abri-serre plastique), Béji (melon de saison, de type melon d'hiver), Galaoui (melon de saison de type sucrin), Maazoul (melon de saison de type melon d'hiver) et le fakous (melon serpent consommé en Tunisie à l'état immature). Pour identifier les génotypes résistants aux souches « communes » de CMV de Tunisie, nous avons eu recours aux lignées suivantes : PI 225478 (Corée), PI 161375 (Corée), Ginsen makuwa (Japon), Kanro makuwa (Japon), Freeman's cucumber (Orient), Ssp *Agrestis sudofrica* (Afrique), Ssp *Conoman vietnam* (Viêtnam). Les variétés tunisiennes et étrangères ont été inoculées trois fois à deux jours d'intervalle par les souches « communes » de CMV de Tunisie. Quatre observations ont été effectuées à 7, 10, 15 et 20 jours après l'inoculation, et notées selon une échelle de 0 à 4 (0 = sans symptôme, 4 = symptômes très sévères) en faisant la somme des notes des quatre observations. Par ailleurs, on a analysé le poids de la partie aérienne de vingt plantes par variété, un mois après leur

inoculation. La recherche des génotypes les plus résistants a été faite par l'analyse des correspondances [11] où les individus sont les sept génotypes comparés et les caractères sont les notes correspondantes (i étant le numéro de l'observation et j la note du symptôme). On a également quantifié l'effet de l'infection par le CMV sur le poids de la partie aérienne des plantes.

Les variétés tunisiennes se sont révélées toutes sensibles au CMV dès le stade plantule, avec des symptômes de mosaïque plus ou moins sévères dès la deuxième observation. On a observé une importante réduction du poids de la partie aérienne des plantes, un mois après l'inoculation par les souches « communes » de CMV de Tunisie (tableau 1). L'analyse des résultats relatifs aux génotypes a été réalisée par la méthode des correspondances. Les deux premiers axes, représentant 88,6 % de la variabilité, sont qualifiés comme suit : axe 1 - résistance au CMV (sans symptôme), axe 2 - précocité et tardivité des symptômes (symptômes forts à l'extrémité supérieure et symptômes modérés à l'extrémité inférieure). Les lignées les plus résistantes sont PI 161375 (G4), Ginsen makuwa (G5) et Freeman's cucumber (G6), tandis que les lignées Ssp *Agrestis sudofrica* (G2) et Ssp *Conoman vietnam* (G3) sont attaquées précocement. Les lignées PI

## Tableau 2

**Effet sur le poids de la partie aérienne des lignées étrangères de melon un mois après leur inoculation**

Génotypes	Poids moyen (g) ± ES		F ob	R2 (%)
	Témoins	Inoculés		
Freeman's Cucumber	6,05 ± 0,46	5,69 ± 0,57	2,4 NS	11
PI 161375	3,74 ± 0,38	3,45 ± 0,44	2,85 NS	13
Ginsen makuwa	4,46 ± 0,44	3,8 ± 0,33	4,08 NS	18
PI 225478	3,76 ± 0,32	2,96 ± 0,23	40,3	69
Kanro makuwa	5,96 ± 0,58	3,54 ± 0,32	35,8	66

ES : erreur standard, F ob : test de Fisher, R2 : coefficient de détermination, NS : non significatif.

**Effect on the weight of aerial parts of foreign muskmelon lines one month after their inoculation with CMV**

225478 (G1) et Kanro makuwa (G7) développent des symptômes tardifs (figure 1). En matière d'effet sur la masse des organes aériens, nous n'avons pas détecté de réduction significative chez les lignées PI 161375 (G4), Ginsen makuwa (G5) et Freeman's cucumber (G6), un mois après leur inoculation par les souches de CMV, alors qu'une réduction très significative de la croissance était observée chez les génotypes PI 225478 (G1) et Kanro makuwa (G7) (tableau 2). Les résultats obtenus confirment en partie ceux d'autres auteurs [4, 7] mentionnant la résistance des lignées PI 161375, Ginsen makuwa, Freeman's cucumber et Kanro makuwa après inoculation artificielle par la souche TL (souche commune française). Dans nos essais les trois premières lignées se sont avérées résistantes, tandis que Kanro makuwa s'est montrée sensible vis-à-vis

des souches « communes » de CMV de Tunisie.

La classification des isolats de CMV obtenus par prospection a montré la prédominance en Tunisie du groupe C [9] avec un nouveau variant et l'existence des deux pathotypes « commun » et « song ». L'emploi du pathotype « commun » a confirmé la sensibilité au CMV des variétés tunisiennes de melon et du fakous en conditions contrôlées. Les lignées PI 161375, Ginsen makuwa et Freeman's cucumber sont résistantes aux souches « communes » de Tunisie, alors que la lignée Kanro makuwa, qui est résistante à la souche commune TL de France s'est révélée sensible, indiquant que nos souches de CMV diffèrent de la souche TL. La lignée Kanro makuwa pourrait posséder des facteurs de résistance différents de ceux des trois autres génotypes étudiés ■

## Summary

### Cucumber Mosaic Virus (CMV) in Tunisian melon and identification of resistant genotypes

M. M'nari, H. Jebari, C. Chérif

*Virus diseases of Cucurbitaceae are a major problem in Tunisia, with Cucumber Mosaic Virus (CMV) ranking second in importance. Prospecting in northern and central of Tunisia among muskmelon (*Cucumis melo* L.) and fakous (*Cucumis melo* var. *flexuosus*) fields yielded CMV isolates which were used to evaluate the different pathotypes. Tunisian isolates of CMV were classified according to two methods : that of Marchoux (1975), which demonstrated the presence of group C, as well as a new variant of this group. The classification of Lecoq and Pitrat (1982) indicated the presence of « common » and « song » pathotypes. Field susceptibility of muskmelon and fakous varieties to the « common » pathotype at early stages of growth was confirmed under controlled conditions. Inoculation of muskmelon lines from different origins allowed genotypes resistant to this pathotype to be selected, i.e. : PI 161375, Ginsen makuwa and Freeman's cucumber.*

*Cahiers Agricultures* 1993 ; 2 : 60-2.

## Références

1. Cherif C, Ezzaier K. Viruses of Cucurbit's in Tunisia. *Proc Mediter Phytopath Union, Granada, Spain* 1987, 37-8.
2. M'nari M. Contribution à l'étude des souches du virus de la mosaïque du concombre (CMV) et de la résistance génétique chez le melon (*Cucumis melo* L.). Thèse de 3<sup>e</sup> cycle, CIHEAM, Saragosse, Espagne 1989 ; 149 p.
3. Francki RIB, Mossop DW, Hatta T. Cucumber Mosaic Virus. CMI/AAB. *Description of Plant Viruses* 1979 ; 213 : 6 p.
4. Karchi Z, Cohen S, Govers A, Rechel Y. Response of susceptible and resistant cantaloupes (*Cucumis melo* L.) to cucumber mosaic virus under field conditions. *Phytoparasitica* 1978 ; 6 : 9-13.
5. Pitrat M, Lecoq H. Exploitation de différentes formes de résistance aux virus chez le melon. *Le sélectionneur français* 1984 ; 34 : 29-39.
6. Lecoq H. Les viroses. In : *Le melon, marché et techniques de production*. Paris : CTIFL, 1985 : 210-3.
7. Risser G, Pitrat M, Rode JC. Étude de la résistance du melon (*Cucumis melo* L.) au virus de la mosaïque du concombre. *Ann Am plantes* 1977 ; 27 : 509-22.
8. Marrou J, Quiot JB, Marchoux G, Duteil M. Caractérisation par la symptomatologie de quatorze souches du virus de la mosaïque du concombre et deux autres cucumovirus : tentative de classification. *Med fac Landbouww Rijksuniv, Gent* 1975 ; 40 : 107-21.
9. Marchoux G. Propriétés biologiques et génétiques des ARN du virus de la mosaïque du concombre. Thèse doctorat, CNRPS, 1975.
10. Lecoq H, Pitrat M. Élément pour une stratégie de lutte génétique et culturale contre le CMV chez le melon. Paris : INRA, *Colloques de l'INRA n° 11*, 1982 : 45-58.
11. Hamrouni A. *Présentation de trois méthodes d'analyse multivariante*. Medenine : IRA, 1982 ; 46 p.