



Criblage du germoplasme manioc en conditions de fortes infections de la maladie des nécroses racinaires du manioc (MNRM) en République Démocratique du Congo

MAYANZA KINGOLO Donat ¹, NZUIKI MBUNGU Alphonse ², MAMBAKA BUNZE Nathan ³, TEVO NDOMATESO Gustave¹, KIWIDI DIANZENZA Loïs ^{1,3}, MIAFUNTILA KIRONGOZI Pierre André¹, MOLOBA LUKOMBO Yannick⁴, AMURI MUMBUMBU Brolin ¹, BAKELANA ZEYIMO Tony ^{1,2}

1 Institut National pour l'Étude et la Recherche Agronomiques (INERA), centre de Recherche de Mvuazi Kongo – Central, BP 2037, République Démocratique du Congo.

2 Faculté des Sciences Agronomiques et Environnement, Université du Président Joseph Kasa-Vubu, B.P. 314, Boma, Kongo Central, République Démocratique du Congo.

3 Faculté des Sciences Agronomiques et Environnement, Université Kongo, B.P. 202, Mbanza-Ngungu, Kongo Central, République Démocratique du Congo.

4 Université de Kinshasa, BP 117, République Démocratique du Congo.

Abstract: Cassava (*Manihot esculenta* Crantz) is the main food crop in Democratic Republic of Congo (DRC), accounting for nearly 75% of the national food production. However, Cassava Root Necrosis Disease (CRND), recently reported in the western part of the country, represents an emerging threat, causing significant economic losses and affecting root quality. This study evaluated the response of 30 genotypes from the INERA - Mvuazi Research Center to Cassava Root Necrosis Disease (CRND) under high disease pressure conditions, with the aim of identifying tolerant genotypes and analyzing their agronomic performance to propose options suitable for producers. The experiment was conducted in the field at Lukuakua (Kongo Central, DRC). over a period of 41 months, in a peasant environment. The results show that among the 30 genotypes tested, 15 were selected for their tolerance to MNRM, with differential reactions to the disease. During the second phase, four genotypes (Ilona, Wina, Mbayilu, and Kiroba) were preselected for their combination of tolerance and agronomic performance. The genotype Ilona stood out particularly for the highest marketable yield (31.73 t/ha) and a satisfactory dry matter content. These results confirm the existence of sources of tolerance in the local germplasm and highlight Ilona as a promising variety for heavily affected areas, providing a solid foundation for varietal improvement programs and contributing to strengthening food security in DRC.

Keywords: Ilona, Germplasm, *Manihot esculenta*, CRND, DRC.

Digital Object Identifier (DOI): <https://doi.org/10.5281/zenodo.19510424>

Résumé: Le manioc (*Manihot esculenta* Crantz) constitue la principale culture vivrière en République Démocratique du Congo (RDC), représentant près de 75 % de la production vivrière nationale. Cependant la Maladie des Nécroses Racinaires du Manioc (MNRM), récemment signalée à l'Ouest du pays, représente une menace émergente, entraînant des pertes économiques importantes et affectant la qualité des racines. Cette étude a évalué la réaction de 30 génotypes issus du germoplasme du Centre de Recherches de l'INERA - Mvuazi face à la MNRM en conditions de forte pression de la maladie, dans le but d'identifier les génotypes tolérants et d'analyser leurs performances agronomiques pour proposer des options adaptées aux producteurs. L'expérimentation a été conduite au champ à Lukuakua (Kongo Central, RDC) sur une période de 41 mois. Les résultats montrent que parmi les 30 génotypes testés, 15 ont été retenus pour leur tolérance à la MNRM, avec des réactions différentielles à la maladie. Lors de la seconde phase, quatre génotypes (Ilona, Wina, Mbayilu et Kiroba) ont été présélectionnés pour leur combinaison de tolérance et de performance agronomique. Le génotype Ilona s'est particulièrement distingué par le rendement commercialisable le plus élevé (31,73 t/ha) et une teneur satisfaisante en matière sèche. Ces résultats confirment l'existence de sources de tolérance dans le germoplasme local et mettent en évidence Ilona comme une variété prometteuse pour les zones fortement affectées, offrant une base solide pour les programmes d'amélioration variétale et contribuant à renforcer la sécurité alimentaire en RDC.

Mots clés: Ilona, Germoplasme, *Manihot esculenta*, MNRM, RDC

1 INTRODUCTION

Le manioc (*Manihot esculenta* Crantz) est l'une des cultures les plus cultivées en Afrique subsaharienne, avec une production totale de plus de 177 millions de tonnes (FAOSTAT, 2017). La République Démocratique du Congo (RDC) est le deuxième producteur du manioc en Afrique et cinquième au monde. En RDC, sa production annuelle atteint environ 15 millions de tonnes, représentant près de 75 % de la production vivrière nationale (Mbanjo et al., 2021). Cultivé dans toutes les provinces, le manioc constitue la principale source de sécurité alimentaire pour environ 70 % de la population. Les racines et produits transformés couvrent les deux tiers des besoins énergétiques quotidiens, tandis que les feuilles représentent le principal légume consommé (Jarvis et al., 2012 ;). Cependant, la production de manioc en Afrique orientale et centrale est fortement menacée par plusieurs maladies. Les principales d'entre elles sont deux infections virales : la Maladie de la Mosaïque du Manioc (Cassava Mosaic Disease, CMD) et la Striure Brune du Manioc (Cassava Brown Streak Disease, CBSD), qui compromettent sévèrement la production et mettent en péril la sécurité alimentaire dans plusieurs régions (Patil et Fauquet, 2009 ; Abaca et al., (Patil et Fauquet, 2009 ; Abaca et al., 2012 ; Legg et al., 2014 ; Ano et al., 2021). A ces menaces s'ajoute une maladie non virale émergente, la Maladie des Nécroses Racinaires du Manioc (Cassava Root Necrosis Disease, CRND), récemment signalée en RDC et dans certains pays d'Afrique centrale (Bakelana et al., 2019 a, Bakelana et al., 2019 b). Les résultats des dernières recherches moléculaires ont montré que la maladie n'est pas causée par un virus (Bakelana et al., 2020). La MNRM serait causée par une bactérie ou un champignon ou encore un complexe bactérie-champignon (Bakelana et al., 2020) et occasionne d'importantes pertes de rendement tant quantitatives que qualitatives surtout dans les zones à très forte infection de la maladie. C'est le cas du village Lukuakua dans la Province du Kongo Central, où bon nombre des variétés locales et améliorées succombent à cette maladie. (Bakelana et al., 2019 a)

Une étude menée dans la région de Lukuakua révèle que 76,7 % des personnes interrogées estiment que la production actuelle de manioc dans le groupement Mbemba demeure insuffisante pour répondre aux besoins locaux.

Par ailleurs, les observations réalisées dans les champs concernant les paramètres épidémiologiques liés aux nécroses racinaires du manioc indiquent une situation particulièrement préoccupante. L'incidence de la maladie s'est avérée extrêmement élevée, atteignant 100 % dans la majorité des villages étudiés au sein de la contrée de Lukuakua. C'est ainsi que tous les agriculteurs enquêtés avaient exprimé le besoin en boutures des nouvelles variétés de manioc résistantes à la MNRM pour permettre l'accroissement de leurs productions. Face à la susceptibilité de certaines variétés améliorées, un essai de criblage variétal a été mis en place. 30 génotypes ont été introduits à Lukuakua en décembre 2016 afin d'identifier les génotypes les plus performants et adaptés aux conditions de forte pression de la MNRM. Cette étude a pour objectif d'évaluer la réaction des 30 génotypes face à la Maladie de Nécrose Racinaire du Manioc, d'analyser leurs performances agronomiques en conditions d'infection naturelle élevée, et de sélectionner les génotypes adaptés pouvant être proposés aux producteurs pour améliorer durablement la production de manioc dans les zones fortement affectées par cette maladie en RDC.

2 MATÉRIELS ET MÉTHODES

2.1. Zone d'étude

L'étude a été conduite dans le village Lukuakua, situé dans le groupement de Mbemba, secteur de Kimpese, territoire de Songololo, Province du Kongo-Central.

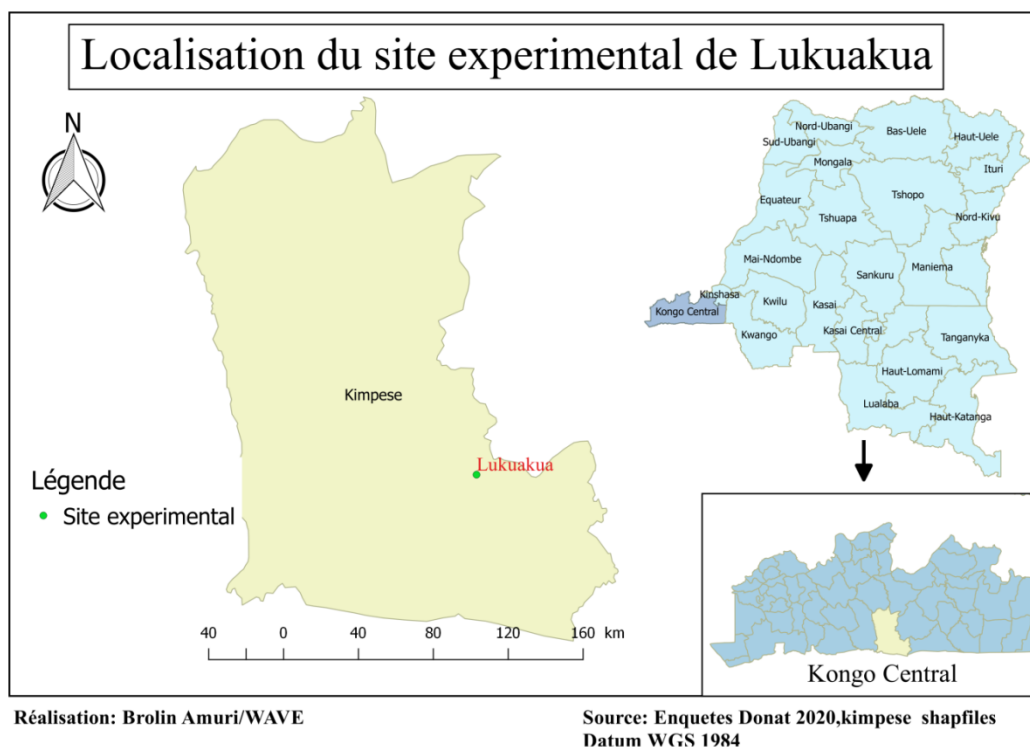


Figure 1: Localisation géographique du site expérimental

2.2. Période expérimentale

L'essai a été conduit en deux phases dont la première s'est déroulée pendant la période allant du 06 décembre 2016 au 09 décembre 2018 (24 MAP) (Mois Après Plantation) tandis que la deuxième phase s'est déroulée du 10 décembre 2018 au 05 mai 2020 (17 MAP).

2.3. Matériels

L'étude avait portée sur le criblage de 30 génotypes élités de l'INERA-Mvuazi à la première phase et sur le criblage des meilleurs génotypes retenus de la première étude à la deuxième phase.

2.4. Méthodes

Cette étude a été conduite selon une approche expérimentale au champ en milieu paysan et s'est déroulée en deux phases successives.

La première phase a concerné l'évaluation de 30 variétés génotypes et a consisté principalement en une sélection basée sur la réaction des génotypes à la maladie, suivant un dispositif expérimental standard, compte tenu du nombre élevé de variétés testées.

La seconde phase a porté sur 15 génotypes retenues à l'issue de la première phase de sélection. L'essai a été conduit selon un dispositif en blocs complets randomisés avec trois répétitions. Cette étape a permis d'évaluer simultanément la réponse des génotypes à la maladie ainsi que leurs performances agronomiques.

2.5. Paramètres observés

Les paramètres ci-dessous ont été observés :

1. Nombre des pieds récoltés par parcelle
2. Nombre totale des racines
3. Nombre total moyen des racines
4. Nombre total des racines commercialisables
5. Nombre moyen des racines commercialisables
6. Nombre totale des racines non commercialisables
7. Sévérité et incidence de la maladie des nécroses racinaires du manioc (MNRM)
8. Matière sèche
9. Rendement total
10. Rendement commercialisable

En rapport à l'évaluation des nécroses racinaires, les plantes échantillonnées ont été déracinées. Les racines ont été comptées, et chaque racine a ensuite été coupée transversalement cinq fois à intervalles réguliers sur la longueur de la racine (Figure 2). Les coupes transversales ont été notées pour les symptômes nécrotiques sur une échelle de 1 à 5 de Hillocks et Thresh (2000), Où 1 = pas de nécrose, 2 = $\leq 5\%$ nécrotique; 3 = 6 à 10% nécrotique; 4 = 11 à 25% de constriction nécrotiques et légère déformation des racines; et 5 => 25% des constriction racinaires nécrotiques et sévères.



Figure 2: Côtés de sévérité pour évaluation des nécroses racinaires

2.6. Analyses statistiques

Les analyses statistiques ont été réalisées à l'aide du logiciel Statistix version 8. La normalité des données quantitatives a été vérifiée à l'aide du test de Shapiro–Wilk, tandis que l'homogénéité des variances a été évaluée à l'aide du test de Bartlett. Lorsque les conditions de normalité et d'homogénéité des variances n'étaient pas respectées, des transformations appropriées des données, notamment logarithmique et arcsin \sqrt{p} , ont été appliquées. Après transformation, les variables concernées ont satisfait aux conditions requises pour l'application de l'analyse de variance (ANOVA). Lorsque l'ANOVA indiquait des différences significatives, les moyennes ont été comparées au seuil de signification de 5 % ($p < 0,05$).

3. RESULTATS ET DISCUSSION

3.1. Réaction des 30 génotypes vis-à-vis de la MNRM à la première phase d'expérimentation

Les génotypes exposés à la MNRM ont présenté des réactions différentielles. Sur les trente (30) génotypes évalués, quinze (15) ont été retenus sur la base de leur niveau de tolérance à la maladie. Il s'agit des génotypes suivants : Ilona, Butamu, AR-40, Bomengo, Mugoli, Disanka, Mbayilo, NDL 60/139, Lueki, Sadisa, Kiroba, Namikonga, Wina, Vuvu et Nsansi. Malgré sa tolérance à la MNRM, le génotype Kindisa n'a pas été retenu en raison de sa faible préférence auprès des producteurs (Figure 3). Cette faible adoption s'explique principalement par sa faible teneur en matière sèche dans les racines, malgré une teneur élevée en β -carotène (6,5 ppm), un atout nutritionnel important. Les variétés RAV, Obama (TME 419) et Mvuazi ont confirmé leur sensibilité à la MNRM. Le comportement de la variété RAV est conforme aux observations rapportées dans plusieurs études antérieures (Mahungu *et al.*, 2003 ; Bakelana *et al.*, 2018 ; Bakelana *et al.*, 2019). Bien que très appréciée par les producteurs de la contrée la variété Kigérard s'est également révélée sensible à la MNRM dans les conditions de Lukuakua. De même, la variété Mvuazi a confirmé sa sensibilité, ce qui corrobore les importantes pertes économiques déjà rapportées par les agriculteurs de la zone. La variété Mputa a démontré une très forte sensibilité à la MNRM, similaire à celle observée à Mvuazi. Cette forte sensibilité a été également observée chez le génotype Kansakako dans les conditions de Lukuakua, bien que ce dernier présente un bon comportement agronomique à Mvuazi. Ces résultats confirment les observations précédemment rapportées par Bakelana *et al.* (2018 ; 2019), mettant en évidence l'influence des conditions agroécologiques sur l'expression de la maladie.

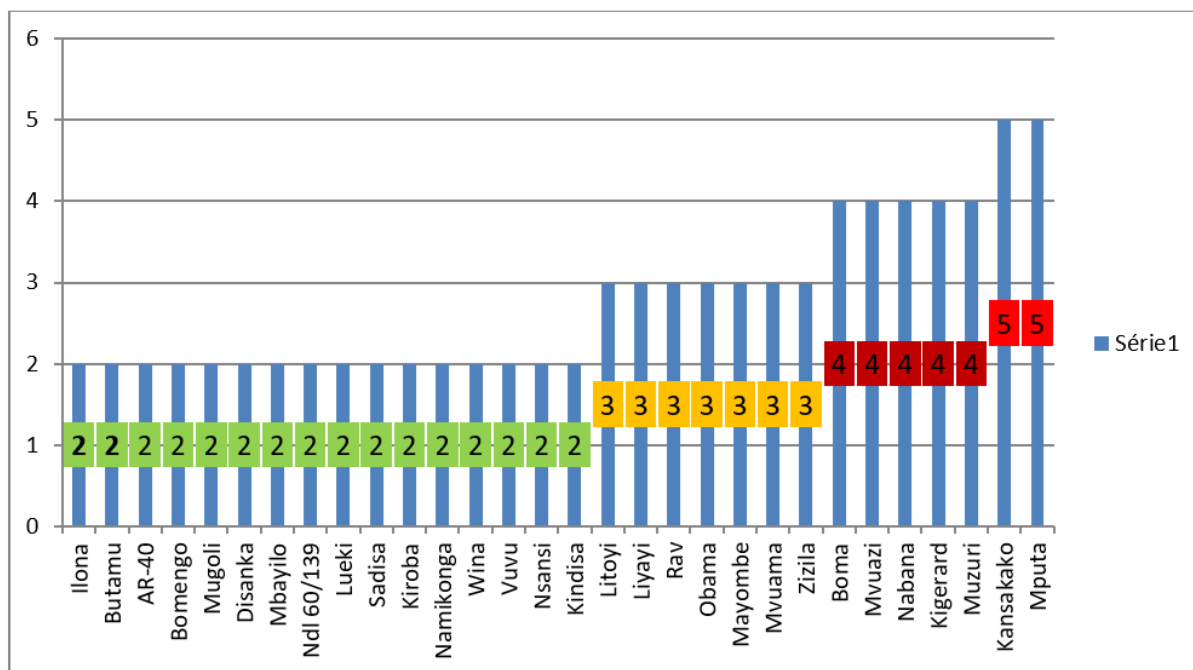


Figure 3 : Réaction des variétés vis-à-vis de la MNRM à Lukuakua à 24 MAP.

3.2. Réaction des 15 Génotypes de manioc retenus à la première phase vis-à-vis de la MNRM à la deuxième phase d'expérimentation

A l'issue de la récolte de la seconde expérimentation, récolte effectuée à 15 mois après plantation (MAP), les données sur la sévérité et l'incidence de la MNRM avaient été prélevées. Les données de croissance végétative n'ont pas été prélevées du fait qu'il s'agit des matériels génétiques en cours d'évaluation en rapport à la MNRM, sachant aussi qu'il n'existe aucun critère d'évaluation végétative en rapport à la MNRM (ex. symptômes foliaires ou caulinaires, etc.). Les résultats révèlent que 4 génotypes ont été présélectionnés sur base de leur réaction vis-à-vis de la MNRM. Il s'agit des variétés Ilona, Wina, Mbayilo et Kiroba (Figure 4). La sélection finale devra confronter ces 4 variétés à leur performance agronomique.

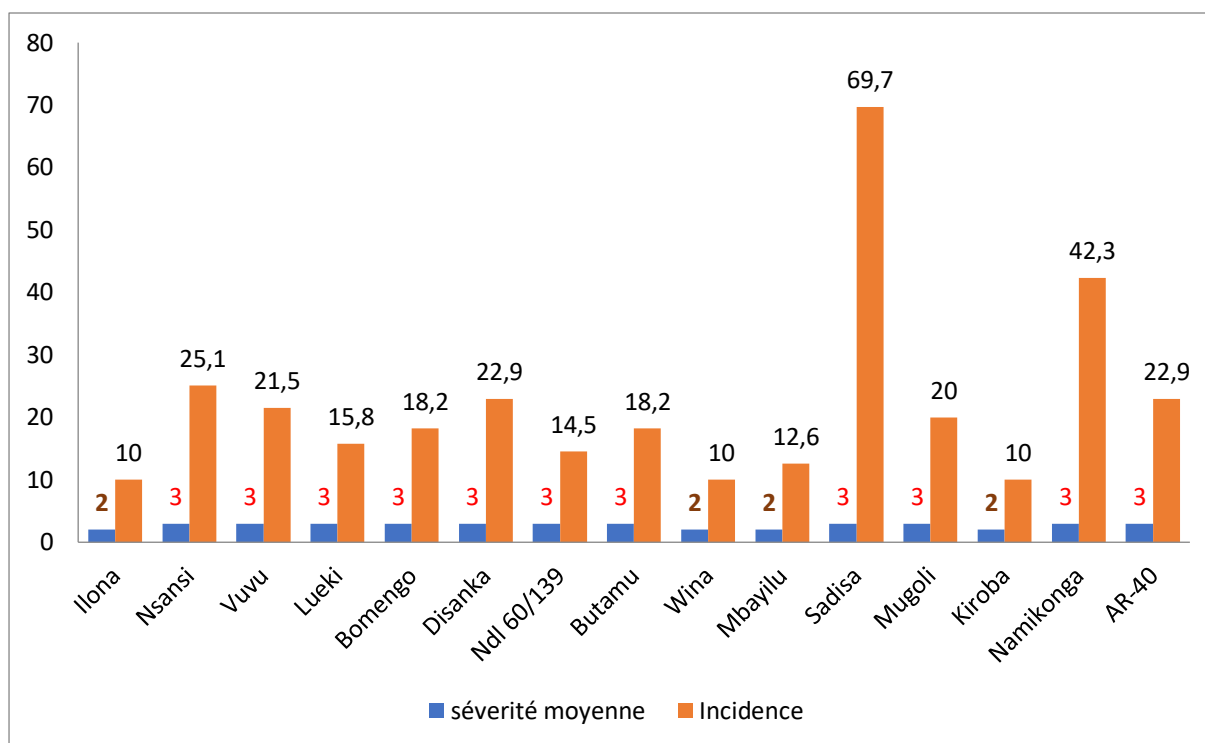


Figure 4 : Réaction des 15 variétés vis-à-vis de la MNRM à Lukuakua à 17 MAP.

3.3. Performance agronomique des 15 génotypes de manioc retenus à la première phase à Lukuakua

Contrairement aux paramètres sanitaires, les résultats mettent aussi en évidence des différences hautement significatives ($p < 0,01$) pour le rendement en racines fraîches commercialisables ainsi que pour le rendement total en racines fraîches. Le génotype Ilona s'est particulièrement distingué en enregistrant le rendement commercialisable le plus élevé (31,73 t/ha) ainsi que le rendement total le plus important (35,72 t/ha) (Tableau 1). Parmi les quatre variétés présélectionnées, Ilona est la seule à combiner un rendement élevé en racines fraîches et une teneur satisfaisante en matière sèche, ce qui constitue un atout majeur tant pour la production que pour la transformation et l'acceptabilité par les producteurs. Les résultats obtenus sur les génotypes présélectionnés, notamment Ilona, confirment que la tolérance à la MNRM peut être combinée à un rendement élevé et une matière sèche satisfaisante, comme observé dans d'autres études portant sur CBSD et CRND en Afrique de l'Est et centrale (Hillocks *et al.*, 2019 ; Sikirou *et al.*, 2025 ; Sichelwe *et al.*, 2024 ; Sheat *et al.*, 2022 ; Sheat, Margaria et Winter, 2021 ; Sheat et Winter, 2023) Enfin, les différences observées entre site de mvuazi et lukuaua soulignent l'importance d'évaluer les génotypes dans divers environnements afin d'identifier des variétés stables et adaptées aux conditions locales, conformément aux recommandations de Bakelana *et al.* (2018 ; 2019).

Tableau 1 : Performance agronomique des 15 génotypes de manioc à Lukuakua (17 MAP).

N°	Variétés	NTRC	NTR	NMRC/P	NTMR/P	MS (%)	RRFC (T/ha)	RTRF(T/ha)
1	Ilona (#)	36,33 a	56,667a	3,01 a	4,73abc	38,857abc	31,73 a	35,72 a
2	Nsansi	24,33 ab	49,667abc	2,76 abc	4,64abc	37,393abc	26,48 ab	30,50 ab
3	Vuvu	27,33 abc	51,667ab	2,79 abc	5,19abc	39,73a	21,81 dc	28,73 abc
4	Lueki	26 abcd	53,667ab	2,51 abcd	5,17abc	36,047abc	17,84 bcde	25,76 abcde
5	Bomengo	25,33 abcd	56,333a	2,64 abcd	5,87a	38,28abc	18,98 bcde	26,17 abcde
6	Disanka	24 abcd	40,333abcd	2,84abc	5,14abc	36,96abc	25,68 abc	30,37 ab
7	Ndl 60/139	19 bcde	36,33abcd	2,15 abcd	4,09abc	34,577 c	13,2 de	17,41 de
8	Butamu	18 bcde	30,333bcd	2,91 ab	4,97abc	35,557abc	23,23 abc	27,32 abcd
9	Wina	18 bcde	36abcd	1,88 abcd	3,7abc	37,127abc	16,69 cde	21,047bcde
10	Mbayilu	16,33 bcde	34,667abcd	1,54 d	3,28c	39,383ab	13,62 de	18,51 cde
11	Sadisa	16bcde	29,333bcd	1,98 abcd	3,93abc	34,647c	18,17 bcde	24,51 bcde
12	Mugoli	16 bcde	33,333abcd	2,9 ab	5,64ab	35,227bc	24,52 abc	31,1 ab
13	Kiroba	12,67 cde	25,667cd	2,29 abcd	4,7abc	38,68abc	13,13 de	17,38 de
14	Namikonga	12,33 de	24,667cd	1,66 cd	3,39bc	37,18abc	12,97 de	16,2 e
15	AR-40	9,33 e	22,333d	1,78 d	4,4abc	38,047abc	11,53 e	16,84 de
	Moyenne	20,4	38,73	38,73	2,37	4,58	24,51	19,38
	Ecartype	10,89	17,79	17,79	0,92	1,51	8,67	8,29
	CV (%)	53,92	45,94	45,94	38,62	32,86	35,39	49,77
	PPDS (0.05)	14,745 ns	25,643 ns	25,643 ns	1,22 ns	2,34ns	10,80 **	9,58**

- (#): Matériel sélectionné à l'issue de la deuxième expérimentation
- NTRC: Nombre total des racines commercialisables
- NTR: Nombre total des racines
- NMRC/P: Nombre moyen des racines commercialisables par plant
- NTMR/P: Nombre total moyen des racines par plant
- MS: Matière sèche
- RRFC: Rendement racines fraîches Commercialisables
- RTRF: Rendement total en racines fraîches

4. CONCLUSION

A l'issue de la double évaluation conduite au village de Lukuakua pendant 41 mois (3 ans et 5 mois), sur les 30 variétés introduites dans cette zone à forte pression de la MNRM, **15** génotypes ont été identifiés pour leur tolérance à la maladie. Ces résultats confirment l'existence d'une source de résistance ou de tolérance au sein du germoplasme local de l'INERA. Parmi ces génotypes, Ilona s'est particulièrement distingué en associant un rendement élevé, des racines de qualité et une teneur satisfaisante en matière sèche, ce qui en fait une variété prometteuse pour la production durable dans les zones fortement affectées par la MNRM. Ces résultats fournissent

une base solide pour les programmes d'amélioration variétale visant à développer de nouvelles variétés tolérantes et adaptées aux conditions locales. Ils offrent également aux producteurs congolais des options concrètes pour renforcer la sécurité alimentaire et réduire les pertes économiques liées à cette maladie. Enfin, l'hypothèse initiale selon laquelle il serait possible d'identifier des variétés résistantes ou tolérantes à la MNRM a été confirmée, et la variété Ilona peut désormais être proposée aux agriculteurs congolais afin d'améliorer durablement la production de manioc.

REFERENCES

- [1] Abaca, A., Kawuki, R.S., Tukamuhabwa, P., Baguma, Y., Pariyo, A., Orone, J., Alicai, T. & Omongo, C.A., 2012. Progression of Cassava Brown Streak Disease (CBSD) in infected cassava roots in Uganda. *Uganda Journal of Agricultural Sciences*, 13(1), pp.45–51. <https://doi.org/10.4314/UJAS.V13I1>
- [2] Ano, C.U., Ochwo-Ssemakula, M., Ibanda, A., Ozimati, A., Gibson, P., Onyeka, J., Njoku, D., Egesi, C. & Kawuki, R.S., 2021. Cassava brown streak disease response and association with agronomic traits in elite Nigerian cassava cultivars. *Frontiers in Plant Science*, 12, p.720532. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.720532>
- [3] Bakelana, Z., Boykin, L., Monica, K., Pita, J., Monde, G., Mahungu, N.M., Lema, K.M. & Tshilenge, K., 2019a. Cassava Root Necrosis Disease (CRND): A new disease spreading in Western Democratic Republic of Congo and in some central African countries. *Journal of Agricultural Science*, 11(2), pp.31–41.
- [4] Bakelana, Z., Laura, B., Mahungu, N.M., Mavila, N., Matondo, M., Nlandu, N., Lufuankenda, M., Tevo, N., Monde, G., Pita, J., Lema, K.M. & Tshilenge, K., 2019b. First report and preliminary evaluation of cassava root necrosis in Angola. *International Journal of Agriculture, Environment and BioResearch*, 4(3), pp.37–46. <https://doi.org/10.35410/IJAEB.2019.3746>
- [5] Bakelana, Z., Magembe, E., Boykin, L., Macharia, M., Mahungu, N., Tata, H., Lutete, D., Monde, G., Jagger, H., Ndunguru, J., Kayuki, C., Pita, J., Lema, K.M. & Tshilenge, K., 2020. Attempts to identify cassava brown streak virus in Western Democratic Republic of Congo. *Journal of Agricultural Science*, 11(2), pp.31–41. <https://doi.org/10.5539/jas.v12n3p105>
- [6] Bakelana, Z., Musben, Z., Boykin, L., Pita, J., Mvila, A., Monde, G., Mahungu, N., Legg, J., Mpika, L., Lema, K.M. & Tshilenge, K., 2018. First report and preliminary evaluations of Cassava Brown Streak like root necrosis in Congo Republic. *International Journal of Development Research*, 8(08), pp.22400–22407.
- [7] FAOSTAT, 2017. Food and Agriculture Organization of the United Nations database. Rome, Italy.
- [8] Hillocks, R.J. & Thresh, J.M., 2000. *Cassava Biology, Production and Utilization*. CABI.
- [9] Hillocks, R.J., Thresh, J.M. & Bellotti, A.C., 2002. *Cassava pests and diseases*. Plant Protection Series. CABI.
- [10] Hillocks, R.J., et al., 2019. Varietal response of cassava root yield components and root necrosis from cassava brown streak disease to time of harvesting in Uganda. *Crop Protection*, 120, pp.58–66. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2019.02.013>
- [11] Jarvis, A., Ramirez Villegas, J., Herrera Campo, B.V. & Navarro Racines, C., 2012. Is cassava the answer to African climate change adaptation? *Plant Biology*, 14(1), pp.9–29. <https://doi.org/10.1007/s12042-012-9096-7>

- [12] Legg, J.P., et al., 2014. Cassava virus diseases: biology, epidemiology and management. *Plant Pathology*, 63(1), pp.1–7. <https://doi.org/10.1016/bs.aivir.2014.10.001>
- [13] Mahungu, N.M., Bidiaka, M., Tata, H., Lukombo, S. & N'luta, S., 2003. Cassava brown streak disease-like symptoms in Democratic Republic of Congo. *ROOTS*, 8, pp.8–9.
- [14] Mbanjo, E.G.N., Rabbi, I.Y., Ferguson, M.E., Kayondo, S.I., Eng, N.H., Tripathi, L., Kulakow, P. & Egesi, C., 2021. Technological innovations for improving cassava production in Sub-Saharan Africa. *Frontiers in Genetics*, 11, p.623736. <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.623736>
- [15] Mukiibi, J., et al., 2019. Field evaluation of cassava germplasm for CBSD tolerance across East Africa. *Plant Pathology Journal*, 35(2), pp.123–132.
- [16] Patil, B.L. & Fauquet, C.M., 2009. Cassava mosaic geminiviruses: actual knowledge and perspectives. *Molecular Plant Pathology*, 10(5), pp.685–701.
- [17] Sichelwe, K.L., et al., 2024. Unlocking cassava brown streak disease resistance: insights from genetic variability and combining ability. *Agronomy*, 14(9), p.2122. <https://doi.org/10.3390/agronomy14092122>
- [18] Sikirou, M., et al., 2025. High throughput field screening of cassava brown streak disease resistance for efficient and cost saving breeding selection. *Agronomy*, 15(2), p.425. <https://doi.org/10.3390/agronomy15020425>
- [19] Sheat, S., Margaria, P. & Winter, S., 2021. Differential tropism in roots and shoots of resistant and susceptible cassava infected by cassava brown streak viruses. *Cells*, 10(5), p.1221. <https://doi.org/10.3390/cells10051221>
- [20] Sheat, S., Zhang, X. & Winter, S., 2022. High Throughput virus screening in crosses of South American and African cassava germplasm reveals broad spectrum resistance against viruses causing cassava brown streak disease and cassava mosaic disease. *Agronomy*, 12(5), p.1055. <https://doi.org/10.3390/agronomy12051055>
- [21] Sheat, S. & Winter, S., 2023. Developing broad spectrum resistance in cassava against viruses causing cassava mosaic and cassava brown streak diseases. *Frontiers in Plant Science*, 14, p.1042701. <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1042701>