Modélisation de l'évolution des populations virales à l'échelle d'un paysage agricole pour la gestion des variétés de plantes résistantes

Frederic Fabre, Benoît Moury

▶ **To cite this version:**

Frederic Fabre, Benoît Moury. Modélisation de l'évolution des populations virales à l'échelle d'un paysage agricole pour la gestion des variétés de plantes résistantes. Colloque national d'écologie scientifique, Sep 2010, Montpellier, France. hal-02753865

HAL Id: hal-02753865
https://hal.inrae.fr/hal-02753865

Submitted on 3 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

P02 /05 Titre : An integrated approach to define management strategies of fungicide resistance in populations of the plant pathogenic fungus *Mycosphaerella fijiensis*

Luc De lapeyre de bellaire - Adrien Rieux - Josué Essoh ngando - Marie-Françoise Zapater - Françoise Carreel - Virginie Ravigné - Jean Carlier

The adaptation of populations of plant pathogenic fungi in response to the use of fungicide is generally rapid. In principle, such adaptation could be canalized through the introduction of heterogeneity in agro-systems with mosaics of treated and untreated areas. The evolution of fungicide resistance in such landscapes will depend on the interactions between gene flow, selection and the cost of resistance. It is then of prime importance to estimate parameters related to these factors and to integrate them into models to define management strategies based on mosaics. The fungus Mycosphaerella fijiensis causing black leaf streak disease of banana is a good example to develop such an integrated approach. In Cameroon, using systemic fungicides and an original forecasting system, the number of treatments to control the disease in agro-industrial plantations has been maintained to 12-14 per year until the emergence of resistances. From then onwards, like in most banana exporting countries, the control implies 50-60 fungicide applications/year using mostly contact fungicides. This evolution has led to an important increase of negative environmental effects since 30-40 kg/a.i/ha/year are now applied (vs. 2-4 kg/ha/year in the former forecasting system). The level of resistance to systemic fungicides, that have been abandoned, is now regularly decreasing in the banana farms. Because a mixture of treated and untreated areas exists in the Cameroon production area, this evolution should depend on interactions among the factors mentioned above. Finally M. fijiensis can be considered as a good model to apply population genetic methods since its populations show relative demographic stability and panmixia. To further understand evolution of fungicide resistance in M. fijiensis and to define new management strategies we developed an integrated approach including the following steps: (i) Estimate gene flow and dispersal parameters using both indirect and direct methods. (ii) Estimate a selection coefficient for two systemic fungicides using an original field experiment located in an isolated area in order to reduce gene flow. (iii) Evaluate potential changes in aggressiveness traits in resistant versus susceptible individuals through artificial inoculations. (iv) Integrate the different factors through modelling.

Luc De lapeyre de bellaire - Systèmes de Culture bananiers, plantains et ananas, CIRAD - Montpellier - luc.de_lapeyre_de_bellaire@cirad.fr

P02 /06 Titre : Modélisation de l'évolution des populations virales à l'échelle d'un paysage agricole pour la gestion des variétés de plantes résistantes

Frédéric Fabre - Benoit Moury

Les résistances génétiques ont permis de réduire fortement l'impact des maladies virales chez de nombreuses plantes cultivées. Cependant, comme pour tous les couples hôte-parasite, les plantes et leurs virus constituent des systèmes dynamiques en perpétuelle évolution. C'est ainsi que les pressions de sélection exercées par la culture à grande échelle de variétés résistantes ont fréquemment induit l'émergence de populations virales adaptées, qualifiées de virulentes en phytopathologie. Si, à l'échelle de plante, les mécanismes générant les variants viraux adaptés sont désormais identifiés, les mécanismes impliqués dans l'émergence de populations virales virulentes à l'échelle de l'agro-écosystème restent, eux, largement méconnus. Identifier ces mécanismes est un préalable afin de savoir comment combiner au mieux variétés sensibles et résistantes pour maintenir sur le long terme l'efficacité des gènes de résistances. Cette question est abordée ici par la modélisation car elle permet d'intégrer la diversité des processus et des échelles spatio-temporelles à l'œuvre au cours du contournement d'une résistance. Un modèle représentant la dynamique démo-génétique d'une population virale dans un paysage agricole (composé de plantes cultivées sensibles, de plantes cultivées résistantes et plantes sauvages hébergent les populations virales en dehors de la saison cultivée) au cours d'une succession d'épidémies annuelles est proposé. A l'échelle des plantes hôtes, les processus de sélection, dérive et mutation affectant les populations virales sont décrits par des systèmes d'équations différentielles. A l'échelle du paysage, la dynamique épidémique est modélisée par une approche individu-centré où chaque plante est un individu. L'effet de 6 facteurs sur la réduction des pertes de rendement obtenue grâce au déploiement d'une variété résistante dans un paysage durant 15 saisons culturales a été analysé à l'aide de ce modèle. Ces facteurs sont: (1) le nombre de mutations nécessaires au contournement, (2) le type de ces mutations (transitions - transversions), (3) le coût de fitness associé à ces mutations, (4) l'intensité des épidémies, (5) le type d'épidémies (proportion des événements d'infection primaire et de dissémination secondaire) et (6) la proportion de variété résistante dans le paysage. Les résultats de simulations indiquent notamment que, dans un contexte épidémiologique donnée, le choix du gène de résistance (i.e. les facteurs nombre, nature et coût des mutations nécessaires pour acquérir la virulence) a autant d'importance, voire plus, que la stratégie de déploiement adopté ultérieurement pour ce gène (le facteur proportion de variété résistante cultivée). L'effet de la structure du paysage sur ces stratégies sera également discuté.

Frédéric Fabre - INRA, UR 407 Unité Pathologie Végétale - Avignon - frederic.fabre@avignon.inra.fr