



**HAL**  
open science

## La variabilité des gènes d'avirulence viraux conditionne-t-elle la durabilité des résistances chez les plantes ?

Benoît Moury, Bérenger Janzac, Frederic Fabre, Alain Palloix

### ► To cite this version:

Benoît Moury, Bérenger Janzac, Frederic Fabre, Alain Palloix. La variabilité des gènes d'avirulence viraux conditionne-t-elle la durabilité des résistances chez les plantes ?. Colloque national d'écologie scientifique, Sep 2010, Montpellier, France. hal-02756063

**HAL Id: hal-02756063**

**<https://hal.inrae.fr/hal-02756063>**

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.

**Session 02 : Adaptation des bioagresseurs de plantes à leur environnement biotique et abiotique**

**La variabilité des gènes d'avirulence viraux conditionne t-elle la durabilité des résistances chez les plantes ?**

*Benoît Moury - Béranger Janzac - Frédéric Fabre - Alain Palloix*

Afin de définir de nouveaux critères prédictifs de la durabilité des résistances des plantes à leurs bioagresseurs, nous avons testé l'existence d'un lien entre d'une part la durabilité des résistances aux virus et d'autre part la diversité moléculaire des facteurs d'avirulence correspondants ou bien la contrainte évolutive s'exerçant sur ces facteurs. En effet, l'émergence de populations virales capables de contourner une résistance nécessite l'accumulation d'une ou plusieurs mutations dans ces facteurs d'avirulence. Or, plus un facteur d'avirulence est variable, plus il aura de chances que sa séquence possède ou acquière les mutations particulières permettant au virus de s'adapter à la résistance correspondante et moins cette résistance sera durable. Par ailleurs, plus l'évolution du facteur d'avirulence est contrainte, plus les mutations qui pourraient apparaître dans ce gène auront des effets négatifs sur la fitness du virus et plus la résistance correspondante sera durable. Afin de tester ces hypothèses, nous avons retenu 20 pathosystèmes plante-virus pour lesquels il était possible d'estimer l'ensemble de ces paramètres. La contrainte évolutive exercée sur les facteurs d'avirulence a été estimée par le ratio entre les taux de substitutions non synonymes et synonymes affectant les gènes codant pour ces facteurs. Les résultats n'indiquent aucun lien significatif entre la diversité moléculaire des facteurs d'avirulence et la durabilité des résistances correspondantes. Par contre, un lien significatif a été observé entre la contrainte évolutive exercée sur les facteurs d'avirulence et la durabilité des résistances correspondantes. Nos résultats suggèrent également que l'estimation de cette contrainte évolutive pourrait être utilisée comme un prédicteur précoce de la durabilité potentielle des gènes de résistance, utilisable en amont dans les schémas de création variétale.

Contact : Benoît Moury - Pathologie Végétale, INRA - Avignon : [moury@avignon.inra.fr](mailto:moury@avignon.inra.fr)