



HAL
open science

Lutte génétique contre les bioagresseurs des cultures : la durabilité, un nouveau critère de sélection

Alain Palloix, Nathalie Boissot, Valérie Ayme, Bérénger Janzac, Hervé Lecoq, Cecile Desbiez, Frederic Fabre, Benoît Moury

► To cite this version:

Alain Palloix, Nathalie Boissot, Valérie Ayme, Bérénger Janzac, Hervé Lecoq, et al.. Lutte génétique contre les bioagresseurs des cultures : la durabilité, un nouveau critère de sélection. 4. Rencontres du Végétal, Jan 2007, Angers, France. hal-02756913

HAL Id: hal-02756913

<https://hal.inrae.fr/hal-02756913>

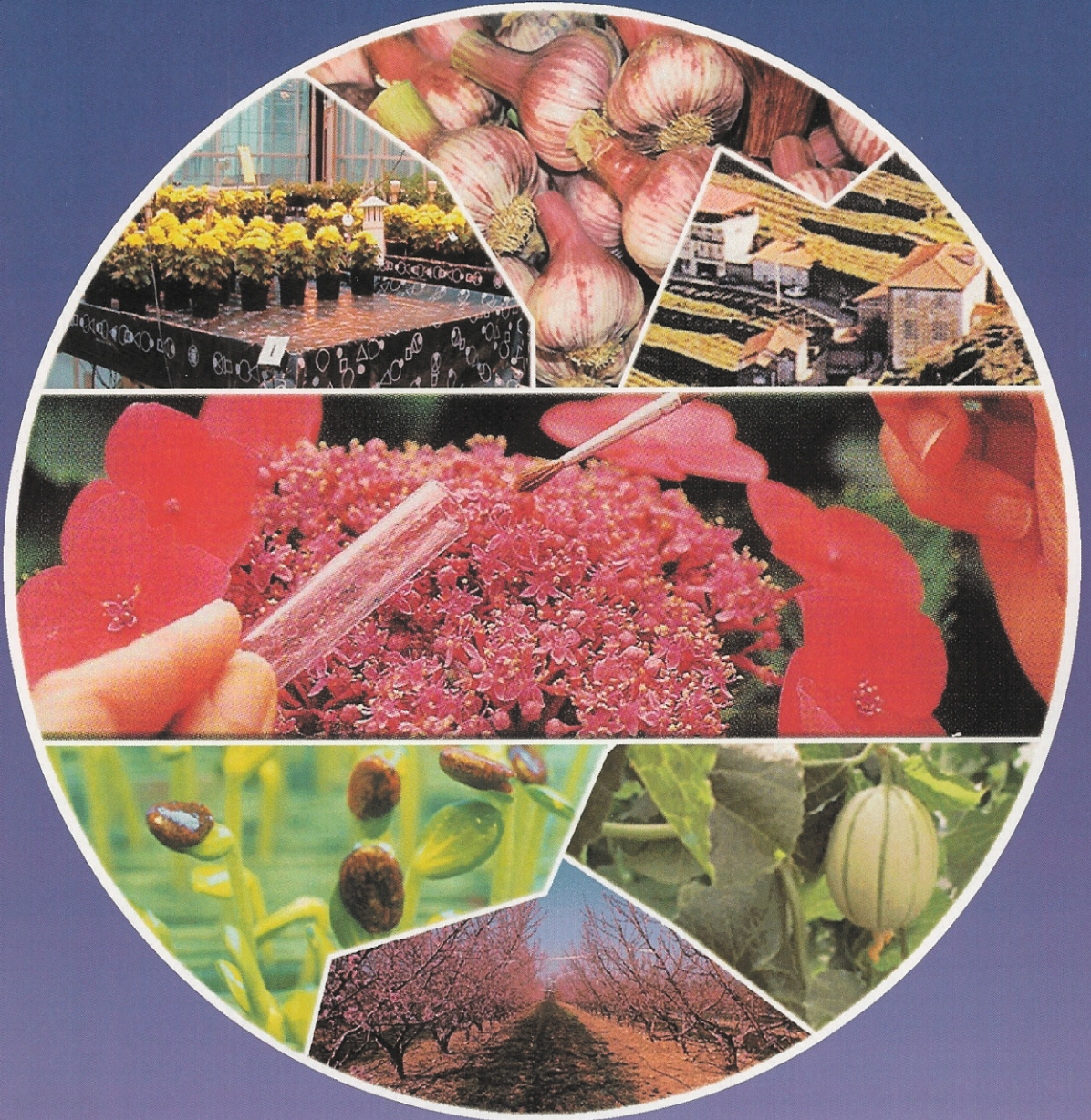
Submitted on 3 Jun 2020

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.

Les **4^{èmes}**
Rencontres
du Végétal

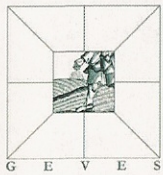
[recueil des communications]



*Vers la protection intégrée de demain :
nouveaux concepts, nouvelles méthodes, nouveaux outils*

16 / 17 janvier 2007

Institut National d'Horticulture - Angers



INH

De la science du végétal
à la culture du paysage



UNIVERSITÉ D'ANGERS

COMMUNICATION ORALE

✓ Lutte génétique contre les bioagresseurs des cultures : la durabilité, un nouveau critère de sélection ?

¹ALAIN PALLOIX, ¹NATHALIE BOISSOT, ^{1,2}VALERIE AYME, ^{1,2}BERENGER JANZAC,
²HERVE LECOQ, ²CECILE DESBIEZ, ²FREDERIC FABRE, ²BENOIT MOURY

INRA - Centre d'Avignon, UR 1057 - Génétique et Amélioration des Plantes - légumes
et UR 477 Pathologie végétale - INRA 1701 - IT'OM -

Orateur : ALAIN PALLOIX

La lutte contre les bioagresseurs des cultures passe par des pratiques culturales adaptées ainsi que par l'utilisation de plantes génétiquement résistantes. L'utilisation de plantes résistantes et les pratiques culturales induisent des pressions de sélection sur les populations de bioagresseurs, ce qui augmente les risques de voir émerger des individus plus adaptés dans les populations. Ces individus peuvent devenir capables de contourner les résistances : c'est-à-dire d'infecter les plantes résistantes ; ils sont alors dits virulents, et les résistances perdent de leur efficacité. Une résistance est dite durable si elle reste efficace sur de longues périodes de temps et de grandes surfaces cultivées dans des conditions favorables au développement de la maladie. La capacité des bioagresseurs à s'adapter plus ou moins rapidement aux gènes de résistance constitue la principale limite à l'utilisation de la lutte génétique. Elle réduit la durée de vie des variétés commerciales possédant des résistances, qui ont généralement fait l'objet de longues étapes de sélection. Sur le long terme, elle accélère la consommation de ressources génétiques dont on ne connaît pas les limites.

L'enjeu est donc de maîtriser l'évolution des populations d'agents pathogènes et de diminuer les risques de contournement. Concernant la génétique et l'amélioration des plantes, il s'agit tout d'abord d'intégrer l'évolution de la population de bioagresseurs et la pression de sélection exercée par les facteurs de résistance comme nouveau critère pour choisir les gènes de résistance à utiliser, puis pour construire les génotypes (cultivars), voire pour gérer ces génotypes dans le temps et l'espace. Les critères de sélection utilisés jusqu'à présent dans les programmes de création de variétés résistantes considéraient essentiellement le niveau de la résistance conférée (totale, partielle), sa spécificité (efficace contre certaines souches ou une large gamme de souches), et parfois les mécanismes mis en jeu (blocage à différents stades du développement de la maladie). Sélectionner pour la durabilité nécessite de prendre aussi en compte l'évolution future de la population de bioagresseurs. Cette nouvelle approche pose la question : quels critères (qualitatifs et/ou quantitatifs) le sélectionneur peut-il s'approprier afin de comparer différents gènes de résistance et différents génotypes ?

Les études de génétique des populations de bioagresseurs, ainsi que la connaissance des déterminants moléculaires de la pathogénicité délivrent les premières réponses (Lecoq et al. 2004). Le processus de contournement d'une résistance peut-être décomposé en 3 principaux événements (Figure) : ① la mutation et/ou la recombinaison au sein du génome du bioagresseur qui permet l'apparition d'un individu virulent,

② la multiplication des variants virulents,

③ leur dispersion dans l'environnement (parcelle, région de culture). Le succès des processus 2 et 3 est soumis aux pressions de sélection dues à l'environnement (plante hôte, pratiques culturales) et aux contraintes internes au bioagresseur (mode de reproduction, de dispersion). De plus, toute mutation peut affecter l'aptitude de l'organisme à se reproduire et à se disperser dans l'environnement, aptitudes regroupées sous le terme de « pouvoir adaptatif » (*fitness*). La dissection du processus d'adaptation à la résistance en composantes élémentaires permet de comparer la durabilité de différentes résistances en recherchant des relations entre la fréquence ou la rapidité de contournement de ces résistances et les mutations requises pour leur contournement ainsi que l'effet de ces mutations sur le pouvoir adaptatif du bioagresseur.

- *Comparaison de différents gènes de résistance.* L'analyse expérimentale ainsi que bibliographique sur différents couples hôte-bioagresseur, montre que la fréquence d'apparition de mutants virulents en laboratoire, ainsi que la rapidité de contournement au champ diminuent lorsque le nombre de mutations requises augmente (Harrison 2002). La fréquence de contournement dépend non seulement

du nombre mais aussi du type de mutation requise (Ayme et al. 2006a), certaines substitutions (transitions) étant intrinsèquement plus probables que d'autres (transversions). L'effet de ces mutations sur le pouvoir adaptatif du bioagresseur est également déterminant : seuls les mutants virulents les moins affectés dans leur capacité à se multiplier et/ou à se disperser deviennent prévalents en culture (Leach et al. 2001). Ainsi, parmi les gènes de résistance disponibles, il est possible de choisir le plus durable en considérant le nombre et la nature des mutations requises pour son contournement, ainsi que l'effet de ces mutations sur le pouvoir adaptatif. Ces critères sont d'intérêt générique, mais ils nécessitent de connaître les mutations déterminant le contournement et de pouvoir mesurer la capacité du bioagresseur à se multiplier et se disperser.

- *Comparaison de différentes combinaisons de gènes de résistance.* Les observations empiriques ont tendance à montrer que les cultivars possédant des résistances polygéniques ou des combinaisons de gènes majeurs ont montré une résistance plus durable que les résistances monogéniques (Parlevliet 2002). Deux hypothèses explicatives sont avancées : d'une part, le contournement simultané de plusieurs gènes requiert de nombreuses mutations ce qui rend peu probable l'apparition de mutants virulents, d'autre part, si la résistance est quantitative (partielle), la sélection des mutants virulents est moins efficace. Peu d'approches expérimentales ont permis de comparer rigoureusement la durabilité relative des résistances monogénique et polygénique. Des données récentes (Ayme et al. 2006b) montrent qu'un gène majeur (résistance monogénique) facilement contournable voit sa durabilité fortement augmentée lorsqu'il est introgressé dans un fond génétique partiellement résistant (résistance polygénique). Ainsi, des gènes de résistance à effets faibles (QTL dits « mineurs ») interviendraient en contre sélectionnant les mutants virulents vis-à-vis du gène majeur. L'expérimentation montre aussi que si des variants virulents vis-à-vis d'un gène majeur ont été présélectionnés lors de l'utilisation d'une variété à résistance monogénique, ceux-ci s'adaptent ensuite plus facilement à la résistance polygénique et acquièrent des mutations supplémentaires. En terme de stratégie de sélection, il apparaît nécessaire de sélectionner directement les combinaisons de gènes pertinentes, car leur exploitation progressive compromettra la durabilité des futurs cultivars.

L'analyse des mécanismes d'évolution des populations de bioagresseurs et de l'impact des gènes de résistance de l'hôte sur cette évolution délivre déjà des critères utiles pour la sélection de variétés à résistance durable. L'approche permet aussi de proposer des paramètres en vue de modéliser l'apparition de variants virulents, puis leur dispersion à différentes échelles. Les modèles ont pour objectif de simuler des scénarios d'évolution des populations de bioagresseurs en réponse à différents modes de gestion des gènes de résistance et de pratiques culturales.

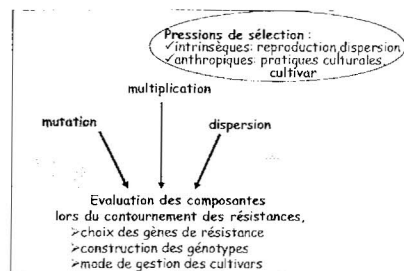


Figure : Scénario du contournement d'une résistance et composantes exploitables pour l'amélioration de la durabilité des résistances.

≡ Durability of disease resistance in plants : new criteria for breeding programs ?

Resistance breakdown by plant pathogen populations is the main limitation to the success of resistant cultivars. The plant pathogen evolution in response to the cultivation of resistant plants has been dissected into elementary components (mutation - multiplication - dispersion) that provided new criteria to evaluate a priori the relative durability of distinct resistance genes, gene combination and management practices. However, this requires a detailed knowledge of the genetic control of pathogenicity and of the dynamics of plant pathogen populations. This approach is also useful to construct models that will assist the breeder in cultivar selection and the agronomist in management practices.

Ayme et al. 2006a, *Molecular Plant-Microbe Interaction*, 19 : 557-563. / Ayme et al. 2006b, *PHM-revue horticole*, 484 : 31-35.
 Harrison B.D. 2002, *Euphytica* 124 : 181-192.
 Leach et al. 2001, *Annu.Rev.Phytopathol.* 39 : 187-224.
 Lecoq et al. 2004, *Virus Research* 100 : 31-39.
 Parlevliet J.E. 2002, *Euphytica* 124 : 147-156