



HAL
open science

Résistance aux pucerons chez le melon et durabilité

Nathalie Boissot, Alexandra Schoeny, Cecile Desbiez, Frédéric Fabre, Flavie Vanlerberghe-Masutti

► **To cite this version:**

Nathalie Boissot, Alexandra Schoeny, Cecile Desbiez, Frédéric Fabre, Flavie Vanlerberghe-Masutti. Résistance aux pucerons chez le melon et durabilité. 10. Rencontres du GIS PICLég, Groupement d'Intérêt Scientifique pour la Production Intégrée en Cultures légumières (Gis Piclèg). FRA., Nov 2017, Marseille, France. hal-02789645

HAL Id: hal-02789645

<https://hal.inrae.fr/hal-02789645v1>

Submitted on 5 Jun 2020

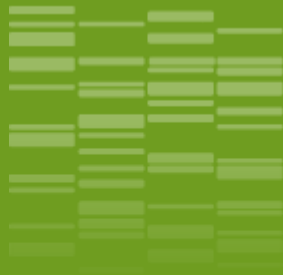
HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

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.

Résistance aux pucerons chez le melon et durabilité

Nathalie Boissot INRA-GAFL





Nathalie BOISSOT



**Alexandra SCHOENY,
Cécile Desbiez,
Frederic FABRE**



Flavie VANLERBERGHE



Aphis gossypii - un ravageur majeur des Cucurbitacées



- vecteur de virus



Cucumber mosaic virus (CMV)



Watermelon mosaic virus (WMV)



Zucchini yellow mosaic virus (ZYMV)



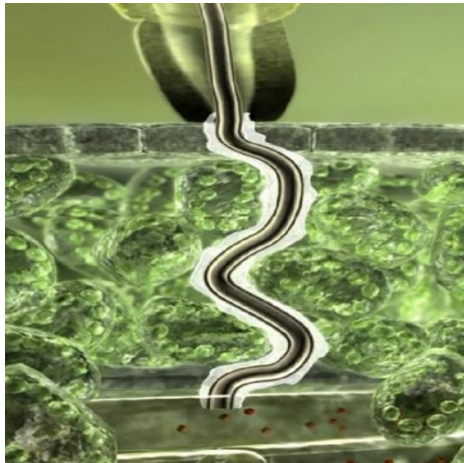
Cucurbit aphid-borne yellows virus (CABYV)

Les pucerons utilisent leurs stylets pour pénétrer dans la plante



Les stylets se déploient en passant entre les cellules, ils traversent les tissus de la feuille, et pénètrent dans les vaisseaux de la plante.

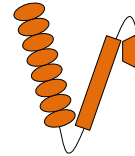
Introduire des effecteurs via la salive
Introduire des virus (et les acquérir)



Photos :
EA Biologie des plantes et contrôle des insectes ravageurs
Université de Picardie Jules Verne, Amiens

Vat : un gène du melon qui confère la résistance à *Aphis gossypii* et aux virus qu'il porte

Appartient à la grande famille de R-gènes des NLR
(Dogimont et al 2014)

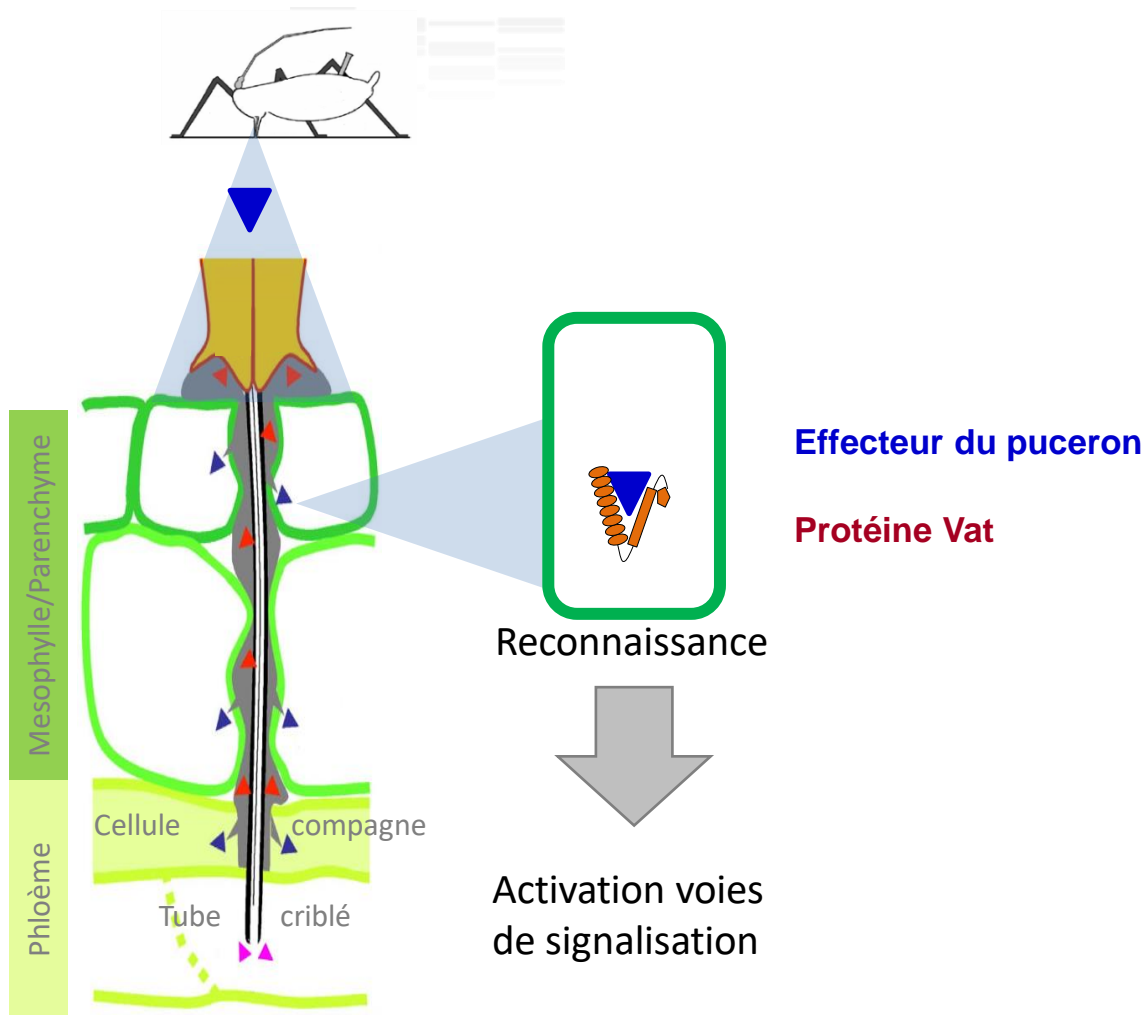


Ubiquiste dans la diversité génétique du melon
(Boissot et al 2016)

Dans plus de 100 variétés inscrites au catalogue français
80% des variétés de melon cultivées dans le Sud-Est depuis 2000

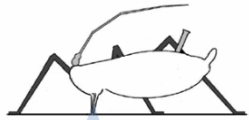
Mécanismes

Melon *Vat*



Mécanismes

Melon *Vat*



Effecteur du puceron

1. Réaction hypersensible
(Sarria Villada et al 2009)

→ Résistance aux virus
CMV, WMW, ZYMV

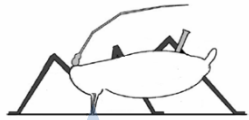
Mesophylle/Parenchyme

Phloème

Cellule compagne
Tube criblé

Mécanismes

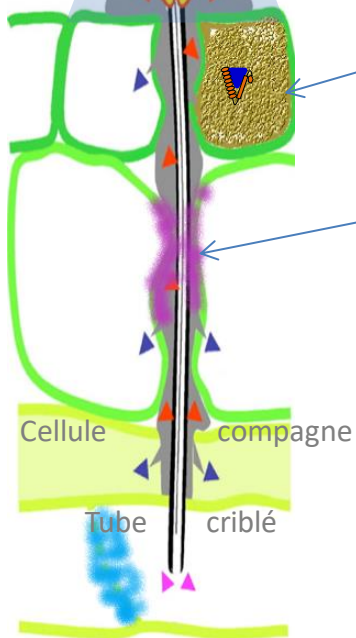
Melon *Vat*



Effecteur du puceron

Mesophylle/Parenchyme

Phloème



1. Réaction hypersensible
(Sarria Villada et al 2009)

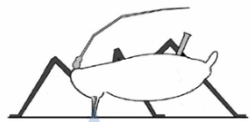
2. Dépôt de callose et de lignine
(Sarria Villada et al 2009)
Trajet intercellulaire difficile,
le puceron atteint rarement le
phloème

→ Résistance aux virus
CMV, WMW, ZYMV

→ Résistance au CABYV

Mécanismes

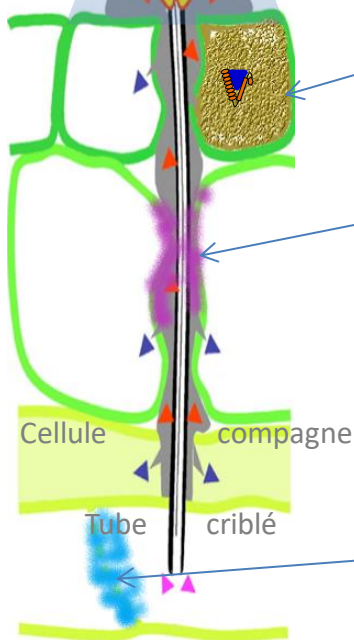
Melon *Vat*



Effecteur du puceron

Mesophylle/Parenchyme

Phloème



1. Réaction hypersensible
(Sarria Villada et al 2009)

2. Dépôt de callose et de lignine
(Sarria Villada et al 2009)
Trajet intercellulaire difficile,
le puceron atteint rarement le
phloème

3. Colmatage du phloème
(Walker et al 2017)
Alimentation très difficile

→ Résistance aux virus
CMV, WMW, ZYMV

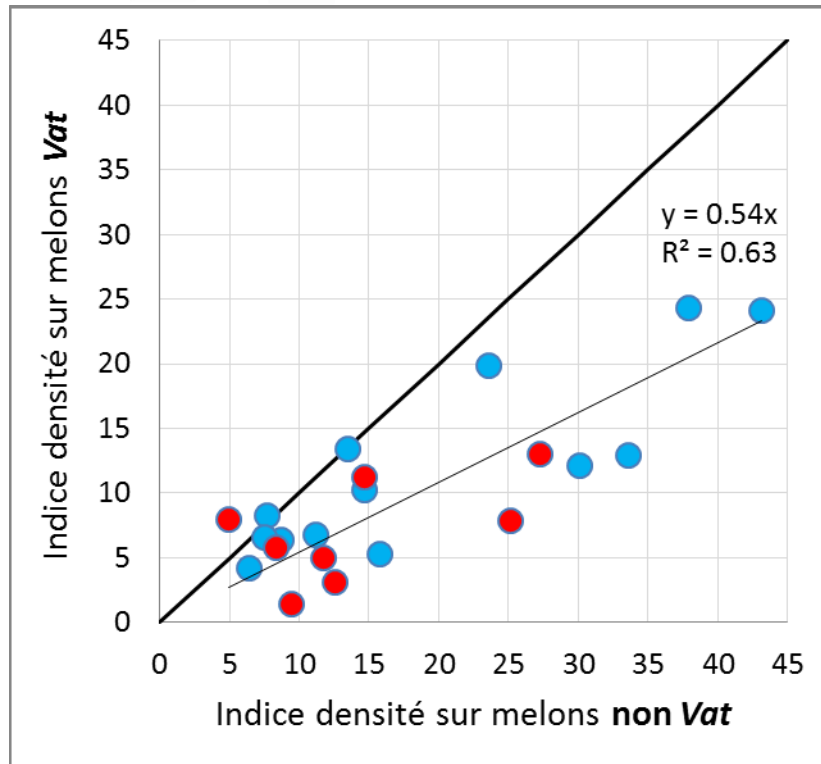
→ Résistance au CABYV

→ Résistance aux
pucerons



Des effets observés au laboratoire aux effets mesurés sur le terrain

Quel effet sur la densité de pucerons ?



21 essais (2006-2014)
Vat vs non-*Vat* (quasi-isogéniques)

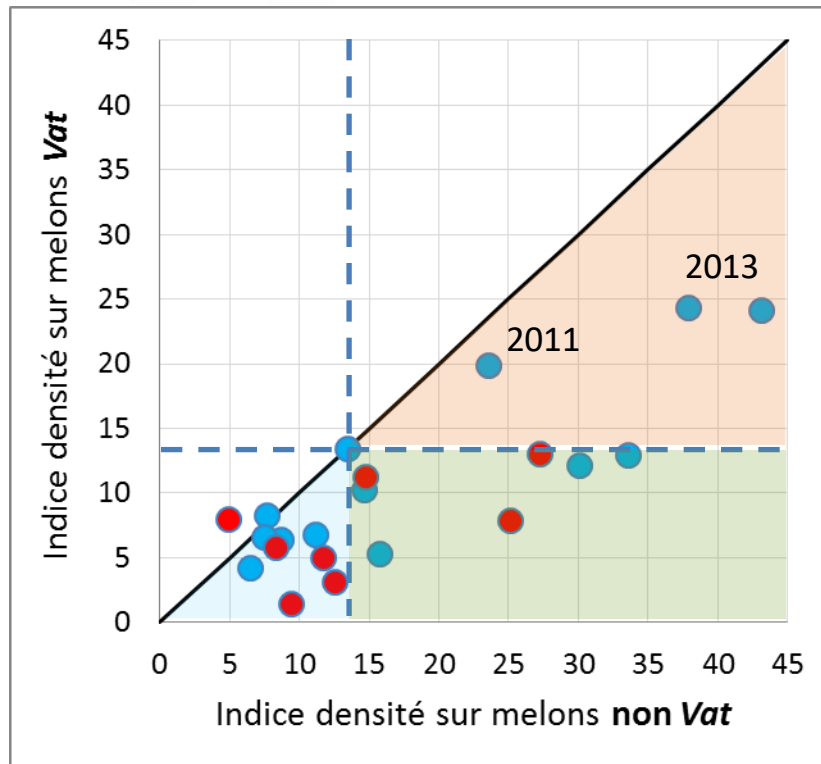
2 agrosystèmes

- Sud-Ouest – ***Vat* non déployé**
- Sud-Est – ***Vat* déployé**

3-5 observations pendant la culture
→ **Indice de densité de pucerons**
(relation exponentielle avec nb/m²)

En moyenne, *Vat* permet de
réduire l'indice de densité de 46%

Quel effet sur la densité de pucerons ?



21 essais (2006-2014)
Vat vs non-*Vat* (quasi-isogéniques)

2 agrosystèmes

- Sud-Ouest – **Vat non déployé**
- Sud-Est – **Vat déployé**

--- Seuil d'intervention

■ *Vat*/non *Vat* sous le seuil d'intervention = pression faible

■ *Vat* permet de passer sous le seuil d'intervention

■ *Vat* ne permet pas de passer sous le seuil d'intervention

Quel effet sur la structure des populations de pucerons ?



21 essais (2006-2014)

Vat vs non-*Vat* (quasi-isogéniques)

2 agrosystèmes

Sud-Ouest – ***Vat* non déployé**

Sud-Est – ***Vat* déployé**

Echantillonnage de pucerons pendant la culture,

Ailés, Aptères, Colonies

Etablissement du **MLG** (génotype multilocus) à partir de 8 SSR

Richesse clonale

Assignation à un groupe génétique (Analyse Structure)

Quel effet sur la structure des populations de pucerons ?

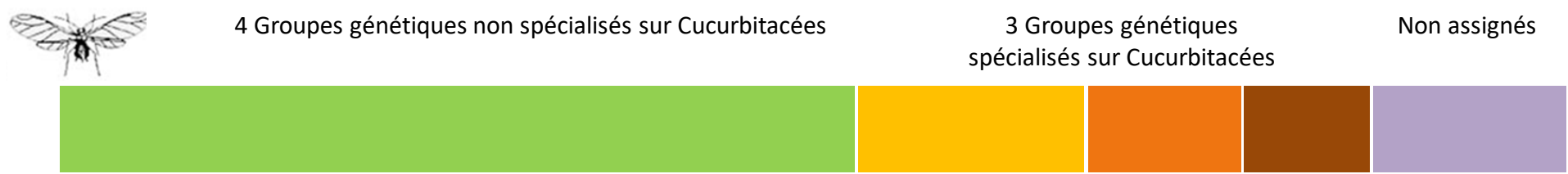
Richesse clonale à chaque étape du développement d'une population d'*A. gossypii*



N=2252
MLG=429

Quel effet sur la structure des populations de pucerons ?

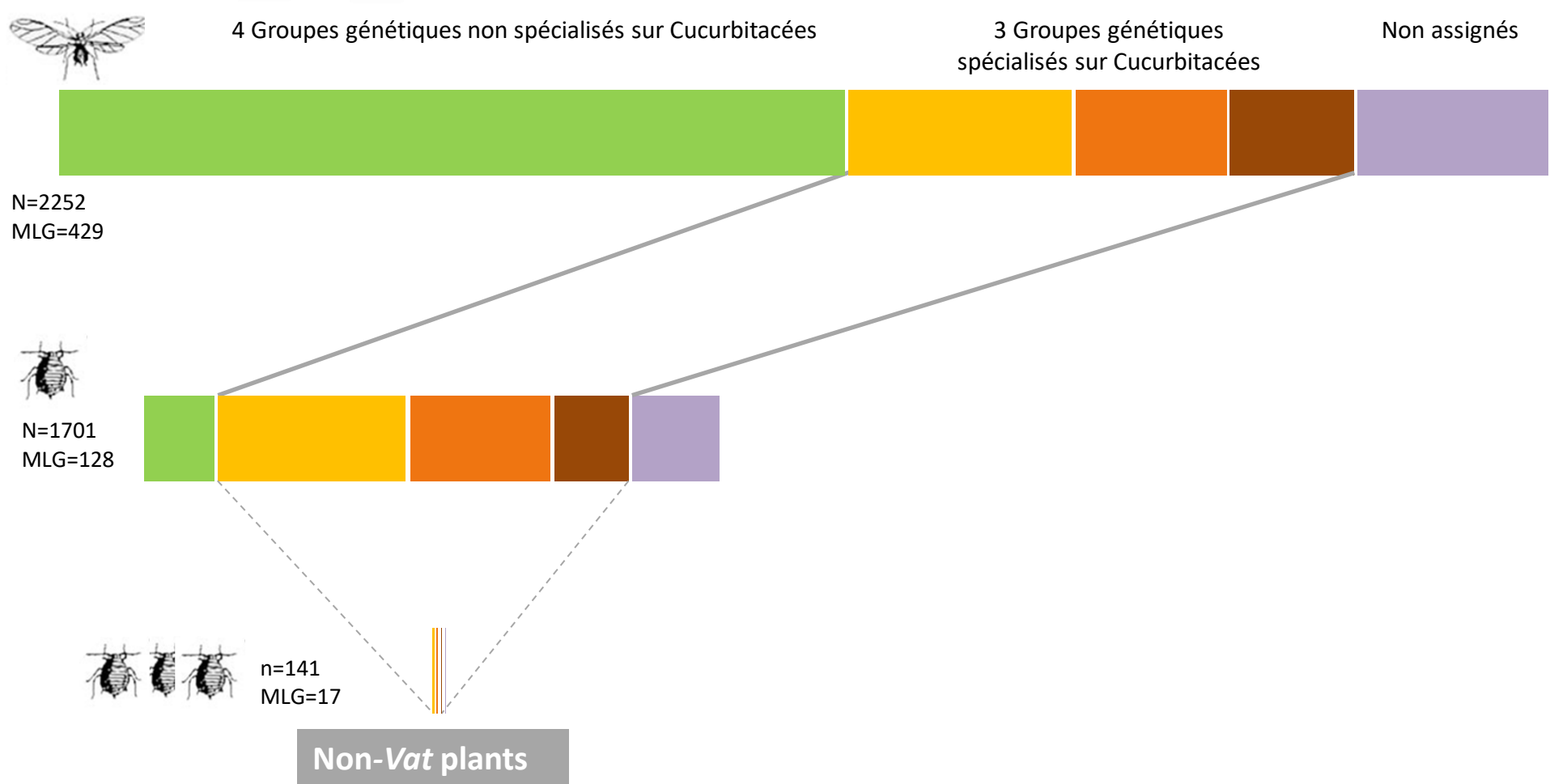
Richesse clonale à chaque étape du développement d'une population d'*A. gossypii*



N=2252
MLG=429

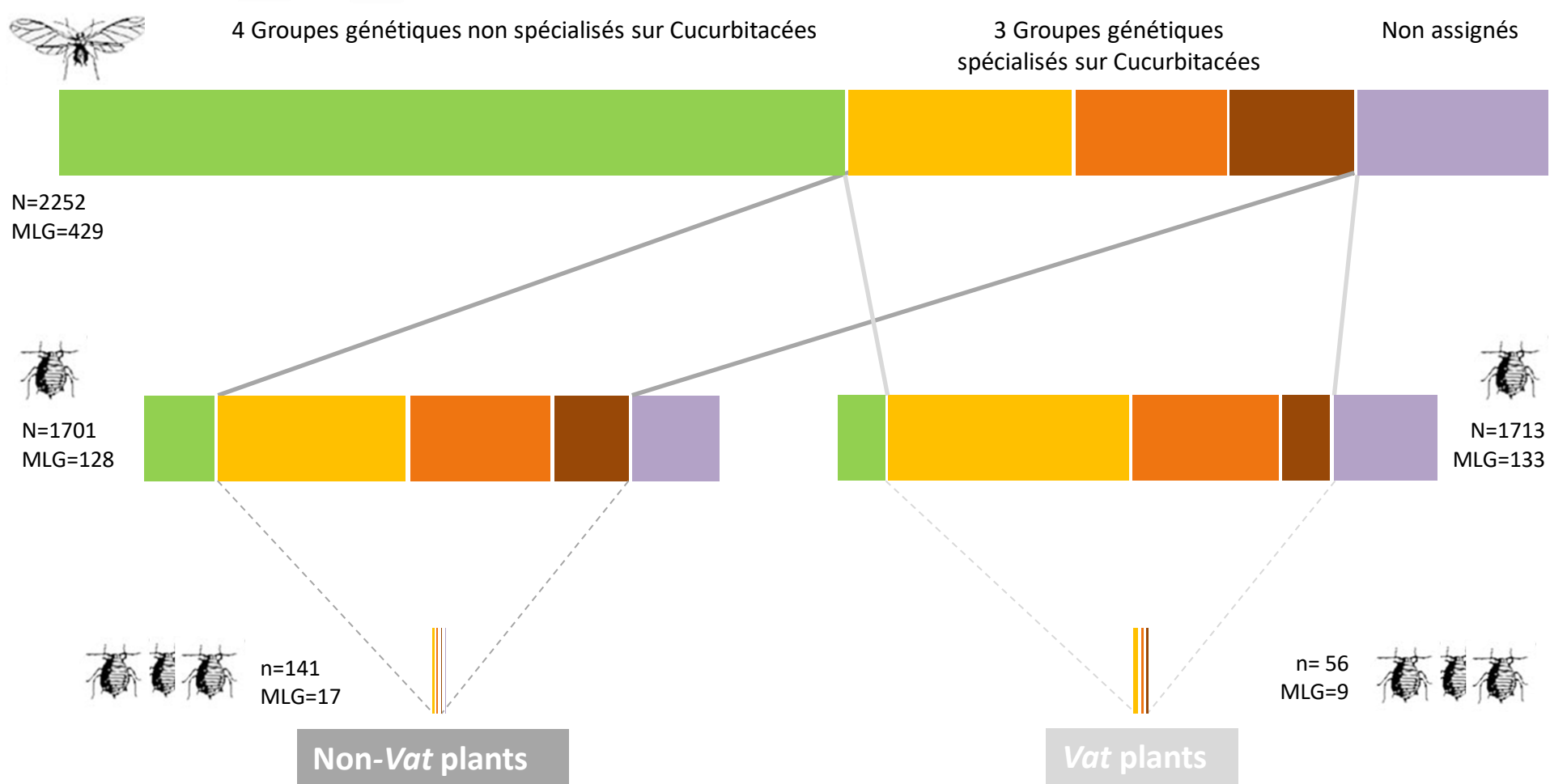
Quel effet sur la structure des populations de pucerons ?

Richesse clonale à chaque étape du développement d'une population d'*A. gossypii*



Quel effet sur la structure des populations de pucerons ?

Richesse clonale à chaque étape du développement d'une population d'*A. gossypii*



Caractérisation des clones au laboratoire

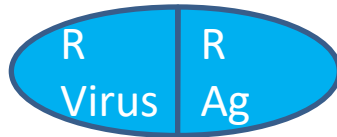


Caractérisation des clones au laboratoire



Effecteur du puceron
Protéine Vat

RECONNAISSANCE

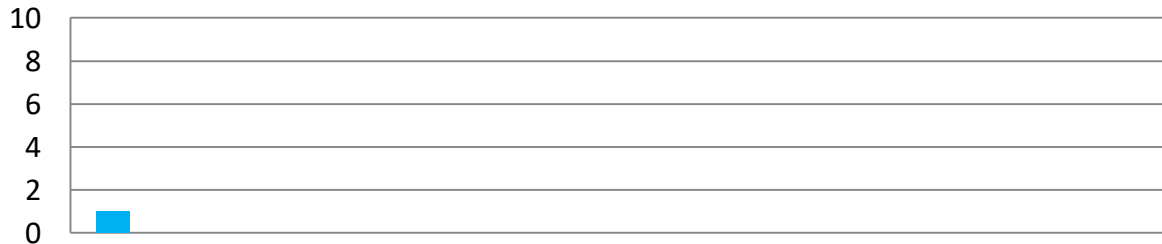


Forte colonisation



Plante Vat

Pas de colonisation

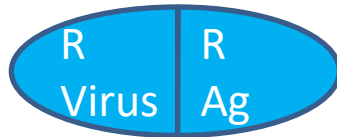


Caractérisation des clones au laboratoire



Effecteur du puceron
Protéine Vat

RECONNAISSANCE



Modification/perte
effecteur du puceron
Protéine Vat

PAS DE RECONNAISSANCE

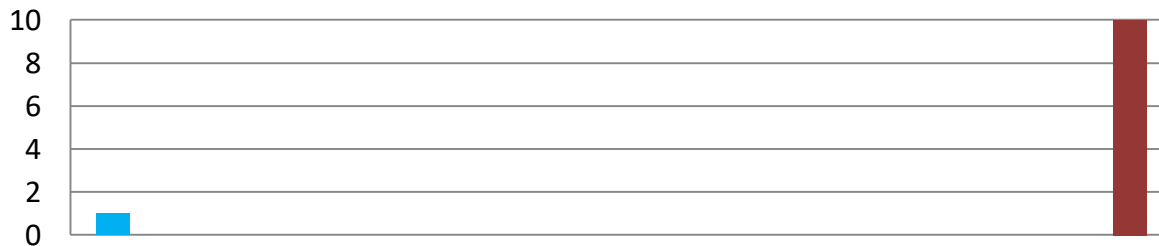


Forte colonisation



Plante Vat

Pas de colonisation



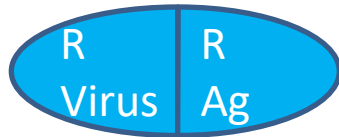
**Adaptation
qualitative**

Caractérisation des clones au laboratoire



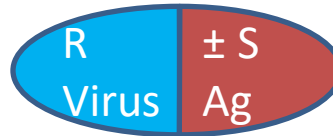
Effecteur du puceron
Protéine Vat

RECONNAISSANCE



Effecteur du puceron
Protéine Vat

RECONNAISSANCE



Modification/perte
effecteur du puceron
Protéine Vat

PAS DE RECONNAISSANCE

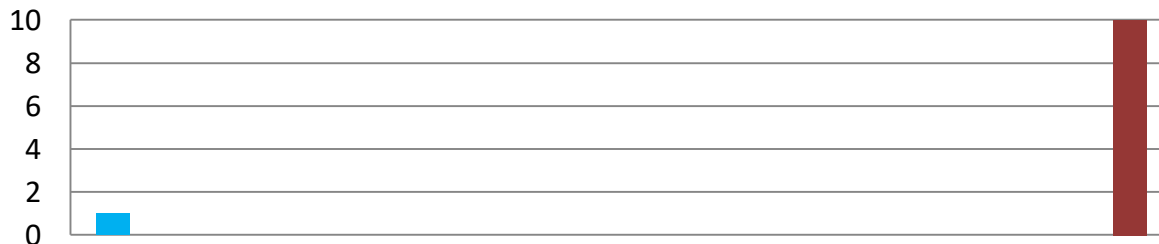


Forte colonisation



Plante Vat

Pas de colonisation



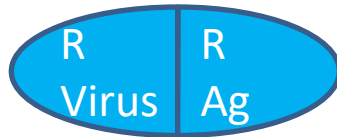
**Adaptation
qualitative**

Caractérisation des clones au laboratoire



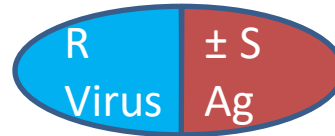
Effecteur du puceron
Protéine Vat

RECONNAISSANCE



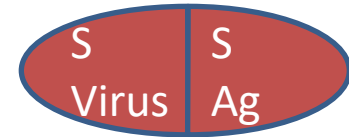
Effecteur du puceron
Protéine Vat

RECONNAISSANCE



Modification/perte
effecteur du puceron
Protéine Vat

PAS DE RECONNAISSANCE

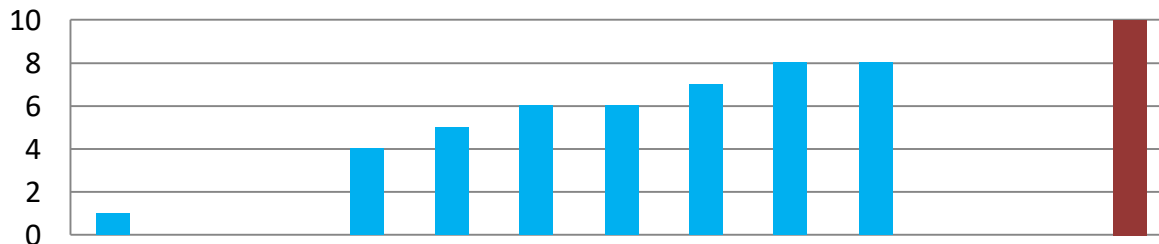


Forte colonisation



Plante Vat

Pas de colonisation



Adaptation
quantitative

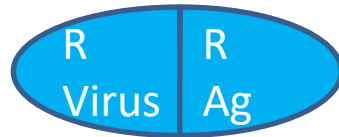
Adaptation
qualitative

Caractérisation des clones au laboratoire



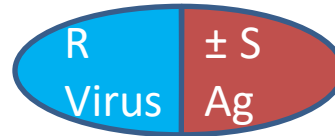
Effecteur du puceron
Protéine Vat

RECONNAISSANCE



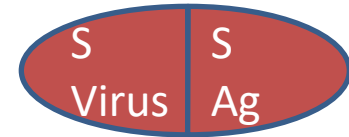
Effecteur du puceron
Protéine Vat

RECONNAISSANCE



Modification/perte
effecteur du puceron
Protéine Vat

PAS DE RECONNAISSANCE

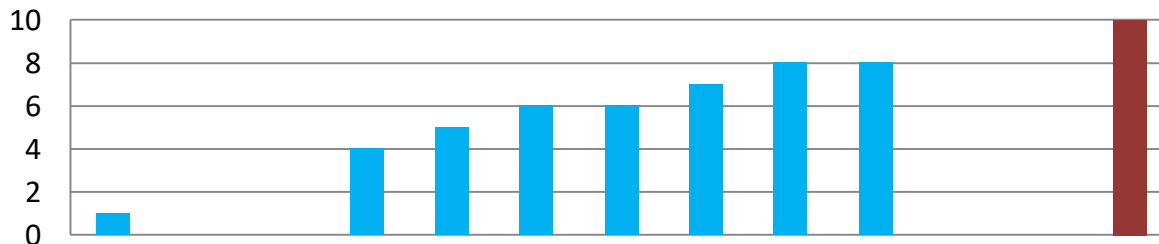


Forte colonisation



Plante Vat

Pas de colonisation



Adaptation
quantitative

FREQUENTE

Adaptation
qualitative

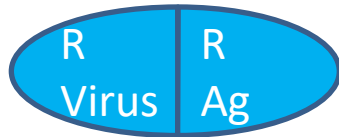
RARE

Caractérisation des clones au laboratoire



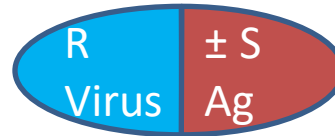
Effecteur du puceron
Protéine Vat

RECONNAISSANCE



Effecteur du puceron
Protéine Vat

RECONNAISSANCE



Modification/perte
effecteur du puceron
Protéine Vat

PAS DE RECONNAISSANCE

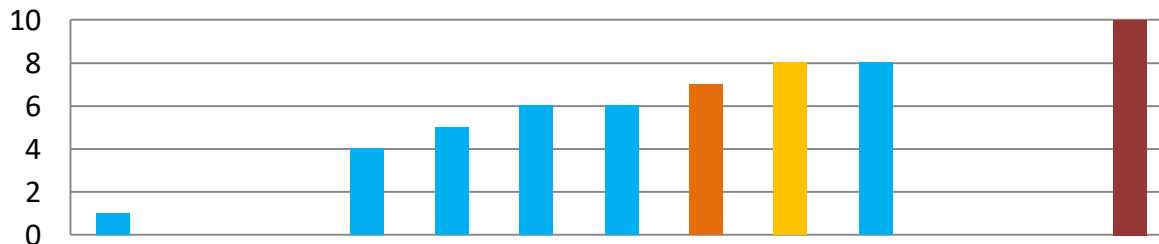


Forte colonisation



Plante Vat

Pas de colonisation

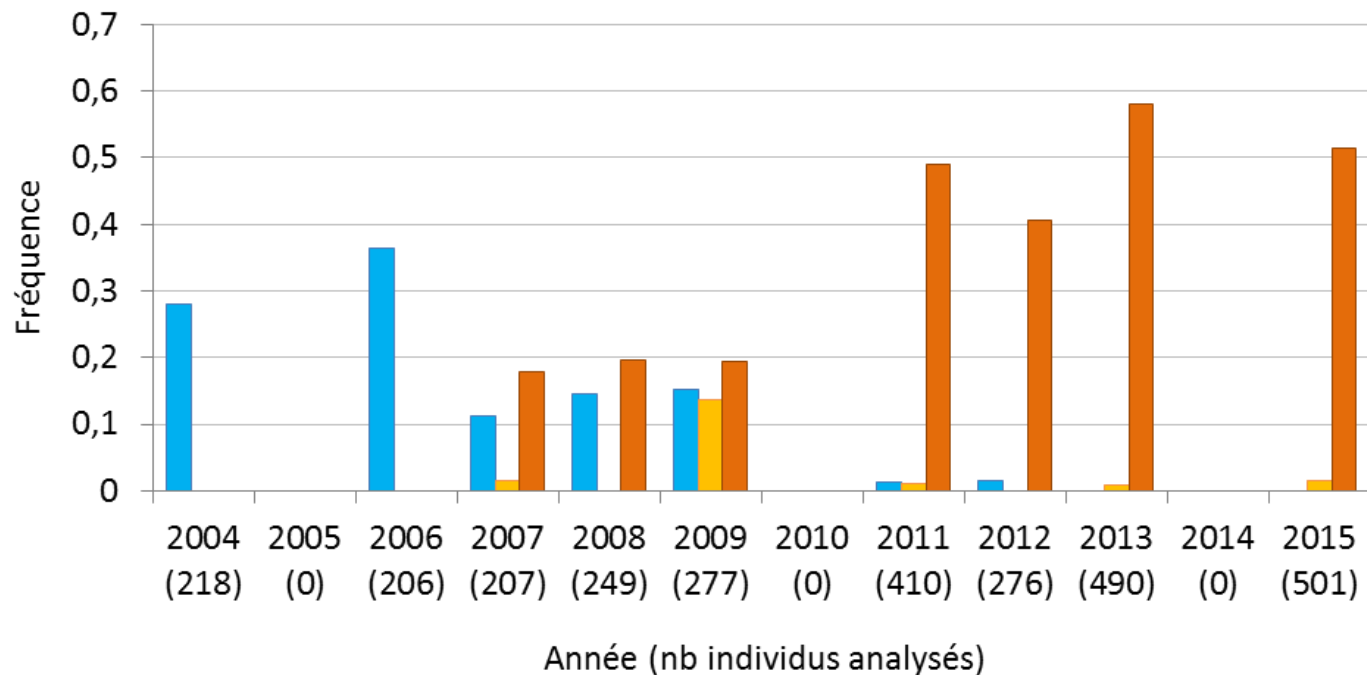


NM1

CUC1 CUC6

Analyse des populations d'ailés de printemps

Image de l'histoire des populations l'année précédente + capacité à passer l'hier



■ NM1
Déclin

■ CUC6
Emergence avortée

■ CUC1
Emergence réussie

Retenir

La résistance 'Vat' aux pucerons est
Efficace dans le Sud-Ouest,
Parfois pas assez efficace dans le Sud-Est

L'adaptation des pucerons à la résistance 'Vat' est quantitative

Nos objectifs de recherches

Réflexion au niveau du territoire agricole

1/ comprendre les caractéristiques clés d'une 'émergence réussie'

2/ proposer des méthodes pour maintenir une efficacité au niveau du territoire



Quel effet sur les épidémies de virus ?

8 essais dans le Sud-Est de 2011 à 2015, *Vat* vs non-*Vat* (quasi-isogéniques)

Suivi du % de plantes infectées par

CABYV

CMV

WMV

ZYMV

Quel effet sur les épidémies de virus ?

8 essais dans le Sud-Est de 2011 à 2015, *Vat* vs non-*Vat* (quasi-isogéniques)

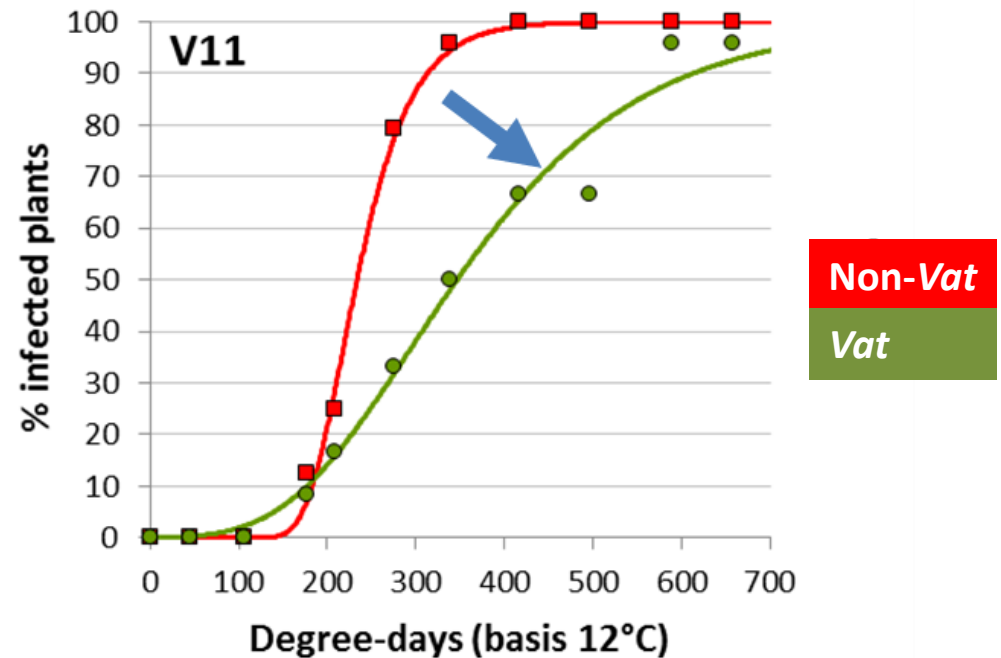
Suivi du % de plantes infectées par

CABYV

CMV

WMV

ZYMV

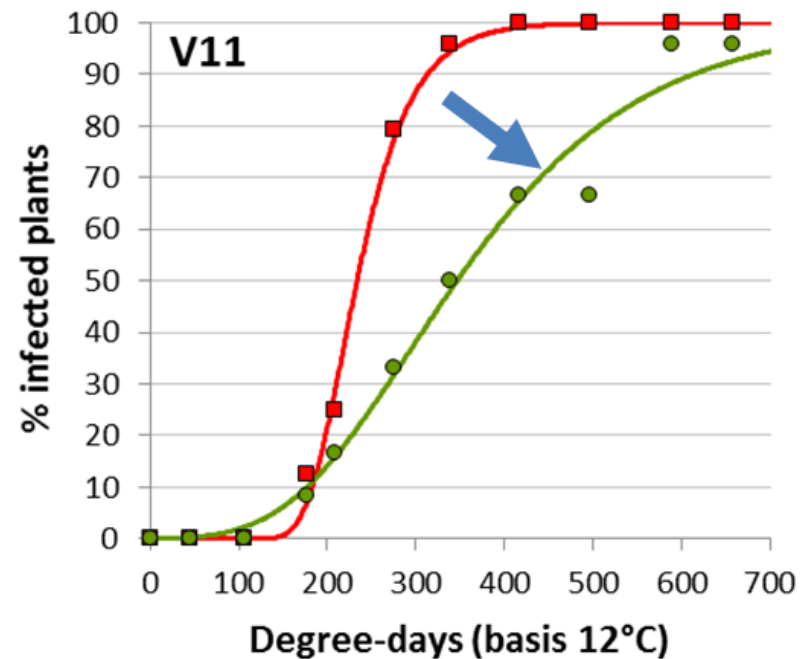


Quel effet sur les épidémies de virus ?

8 essais dans le Sud-Est de 2011 à 2015, *Vat* vs non-*Vat* (quasi-isogéniques)

Suivi du % de plantes infectées par

	Incidence moyenne
CABYV	Non- <i>Vat</i> → <i>Vat</i>
CMV	Non- <i>Vat</i> → <i>Vat</i>
WMV	Non- <i>Vat</i> = <i>Vat</i>
ZYMV	erratique

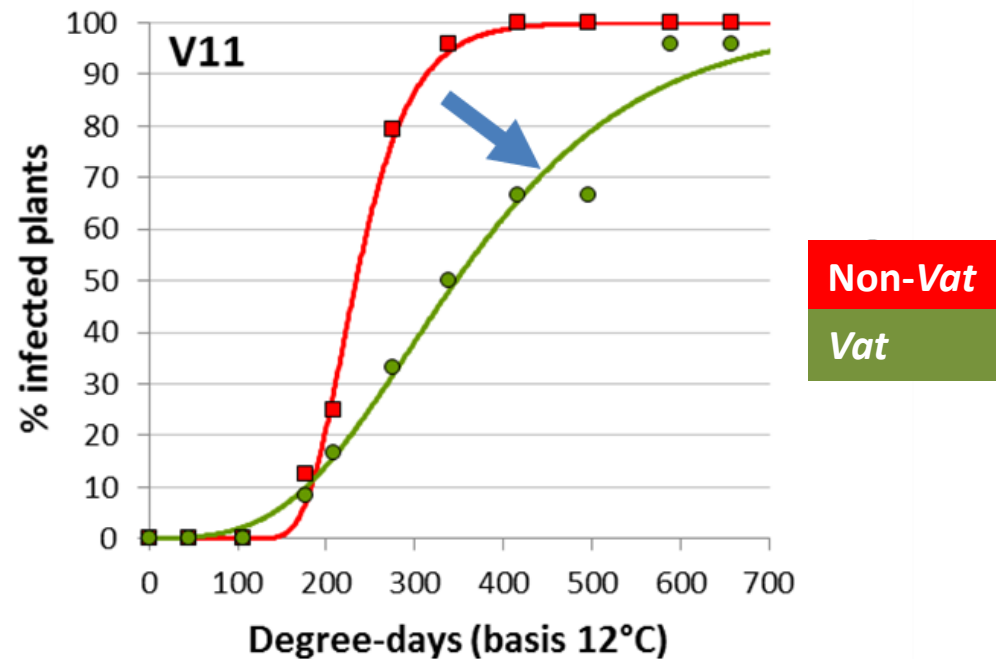


Quel effet sur les épidémies de virus ?

8 essais dans le Sud-Est de 2011 à 2015, *Vat* vs non-*Vat* (quasi-isogéniques)

Suivi du % de plantes infectées par

	Incidence moyenne	
CABYV	Non- <i>Vat</i>	<i>Vat</i> (-37%)
CMV	Non- <i>Vat</i>	<i>Vat</i> (-5 à -83%)
WMV	Non- <i>Vat</i>	<i>Vat</i> (=)
ZYMV	erratique	



=> La résistance *Vat* réduit mais ne contrôle pas les épidémies virales

Quel effet sur la structure des populations de virus ?



- 100 échantillons **CABYV** (ELISA +) prélevés sur plantes Non *Vat* et *Vat*
- 173 séquences partielles de la protéine de capsid et de la protéine de mouvement

Quel effet sur la structure des populations de virus ?



- 100 échantillons **CABYV** (ELISA +) prélevés sur plantes Non *Vat* et *Vat*
- 173 séquences partielles de la protéine de capsid et de la protéine de mouvement
- Pas recombinaison
- Les mêmes haplotypes majeurs dans les plantes non *Vat* et *Vat*
- La même richesse haplotypique

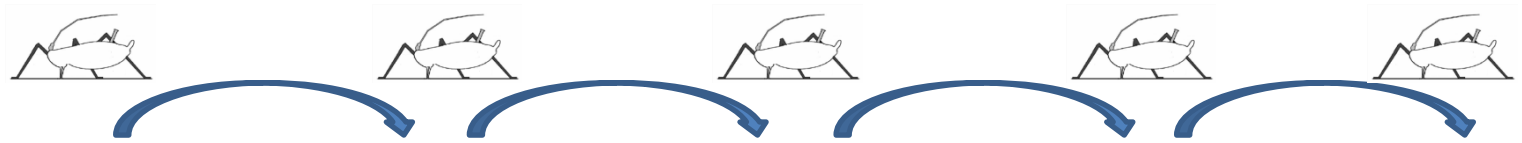
Quel effet sur la structure des populations de virus ?



- 176 échantillons **CABYV** prélevés sur plantes Non *Vat* et *Vat*
- Séquençage partiel de la protéine de capside et de la protéine de mouvement
- Pas recombinaison
- Les mêmes haplotypes majeurs dans les plantes non *Vat* et *Vat*
- La même richesse haplotypique

CABYV : pas de sélection par la résistance *Vat*

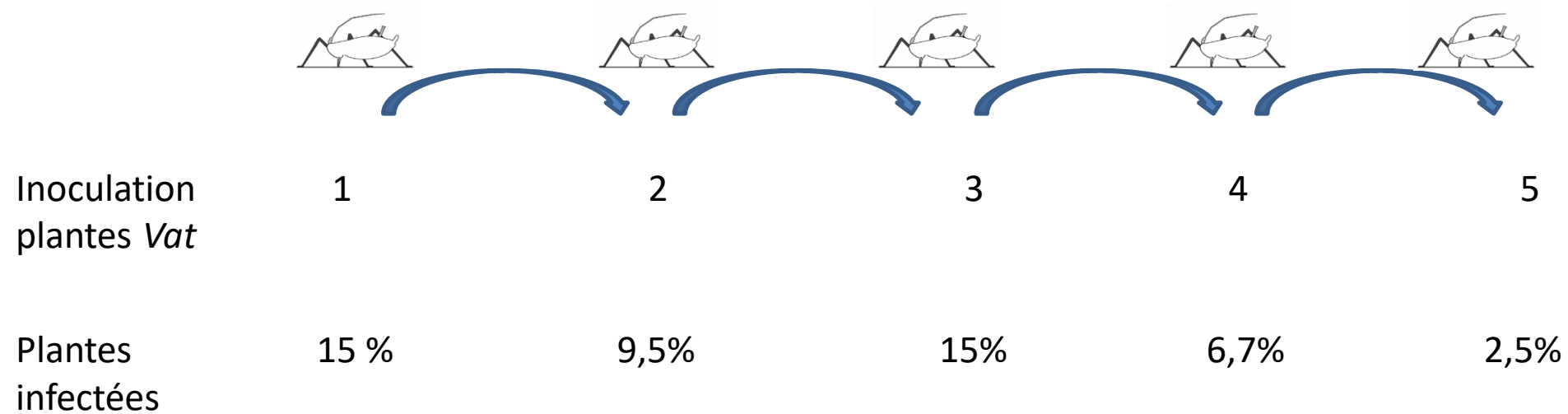
Les virus peuvent-ils s'adapter à la résistance *Vat* ?



Evolution expérimentale CMV ?

Les virus peuvent-ils s'adapter à la résistance *Vat* ?

3 expérimentations indépendantes, 2 clones de pucerons, 585 plantes inoculées



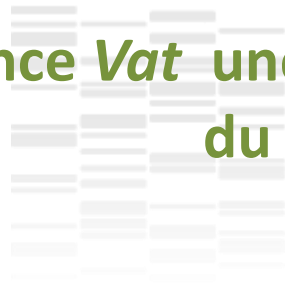
Le CMV ne peut pas contourner la résistance *Vat*

Id WMV et ZYMV



La résistance ***Vat*** est durable
n'est pas suffisante pour contrôler les épidémies virales chez le melon

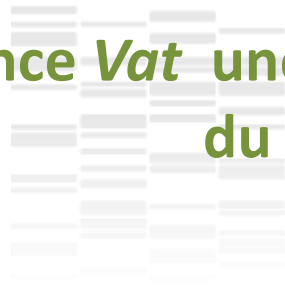
La résistance ***Vat*** peut-elle compléter les résistances classiques au CMV et au CABYV?



La résistance *Vat* une réponse au dilemme du déploiement des résistances classiques aux virus ?

Résistance déployée

- => Evolution des populations
- => Perte d'efficacité progressive des variétés résistantes.
- => Au-delà d'un certain seuil de dégâts => « **La résistance est contournée** »



La résistance *Vat* une réponse au dilemme du déploiement des résistances classiques aux virus ?

Résistance déployée

- => Evolution des populations
- => Perte d'efficacité progressive des variétés résistantes.
- => Au-delà d'un certain seuil de dégâts => « **La résistance est contournée** »

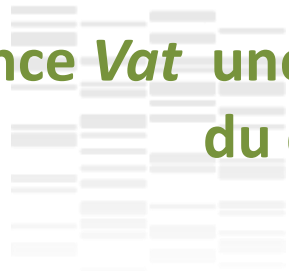
Dilemme du déploiement

Dans un **petit nombre de parcelles**

- => faible efficacité à l'échelle d'un bassin de production
- => effet durable

Dans un **grand nombre de parcelles**

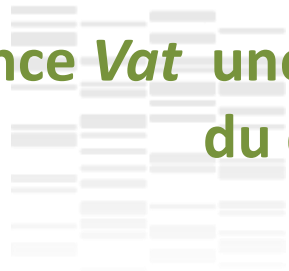
- => forte efficacité à l'échelle d'un bassin de production
- => risque de perte rapide de l'efficacité



La résistance *Vat* une réponse au dilemme du déploiement des résistances classiques aux virus ?

Un modèle qui simule des épidémies virales

- durant plusieurs saisons culturales successives
- en prenant en compte l'adaptation des virus aux résistances variétales



La résistance *Vat* une réponse au dilemme du déploiement des résistances classiques aux virus ?

Un modèle qui simule des épidémies virales

- durant plusieurs saisons culturales successives
- en prenant en compte l'adaptation des virus aux résistances variétales

La vitesse de contournement d'une R_{virus} varie en fonction

- i) de la '**force** intrinsèque' de la résistance
- ii) de l'**intensité des épidémies** virales avant le déploiement
- iii) de l'importance relative des **sources d'inoculum**
- iv) de la **proportion** de variété R_{virus} cultivée

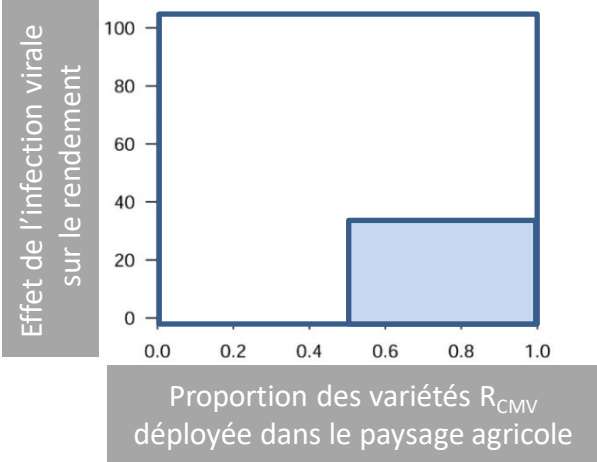


La résistance *Vat* une réponse au dilemme du déploiement des résistances classiques aux virus ?

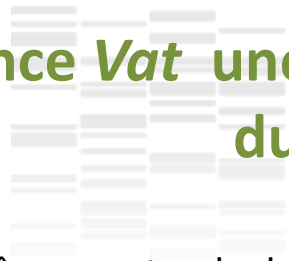
Simulations des épidémies CMV et CABYV pendant 15 ans quand on déploie une R_{CMV} ou R_{CABYV}

- i) facilement contournables (faible 'force intrinsèque' de la résistance)
- ii) intensités d'épidémies observées sur melons *Vat* et non-*Vat* de 2011 à 2015 (8 essais)
- iii) avec des hypothèses sur les sources d'inoculum en relation avec la spécificité du virus

Quelle proportion de variété R_{virus} il faudrait déployer pour être le plus efficace après 15 ans ?



Large déploiement pdt 15 ans
Faible effet de l'infection virale



La résistance *Vat* une réponse au dilemme du déploiement des résistances classiques au CMV ?

CMV virus extrêmement polyphage, transmis par de nombreuses espèces de pucerons

Hyp = les sources d'inoculum ont principalement pour origine le réservoir sauvage

On simule l'évolution des épidémies de CMV,

- R_{CMV} dans un contexte **non-*Vat*** : intensité moyenne du CMV = 0,3
- R_{CMV} dans un contexte ***Vat*** : intensité moyenne du CMV = 0,2

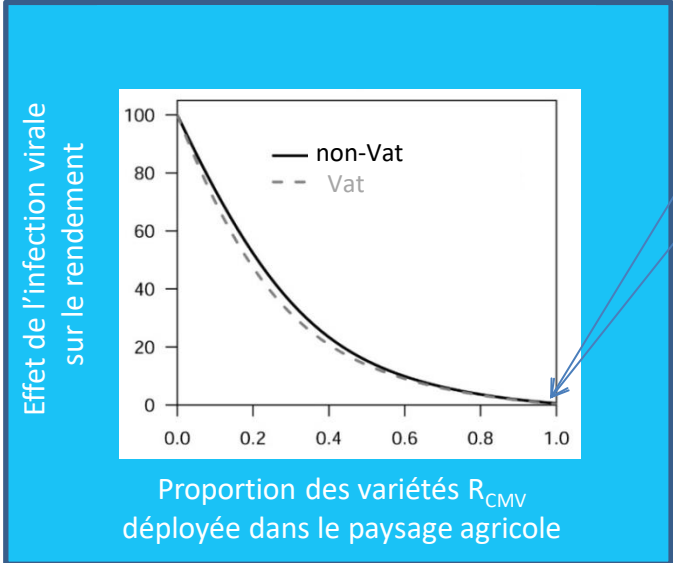
La résistance *Vat* une réponse au dilemme du déploiement des résistances classiques au CMV ?

CMV virus extrêmement polyphage, transmis par de nombreuses espèces de pucerons

Hyp = les sources d'inoculum ont principalement pour origine le réservoir sauvage

On simule l'évolution des épidémies de CMV,

- R_{CMV} dans un contexte **non-*Vat*** : intensité moyenne du CMV = 0,3
- R_{CMV} dans un contexte ***Vat*** : intensité moyenne du CMV = 0,2



APRES 15 ANS de DEPLOIEMENT

- ⇒ L'effet de l'infection par le CMV est minimal quand la proportion R_{CMV} déployée est de 100%
- ⇒ Pas de différence dans un contexte *Vat* ou non-*Vat*

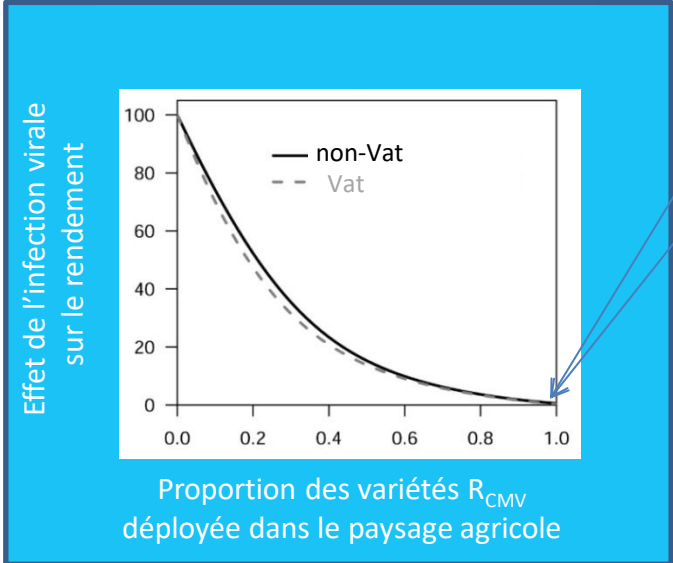
La résistance *Vat* une réponse au dilemme du déploiement des résistances classiques au CMV ?

CMV virus extrêmement polyphage, transmis par de nombreuses espèces de pucerons

Hyp = les sources d'inoculum ont principalement pour origine le réservoir sauvage

On simule l'évolution des épidémies de CMV,

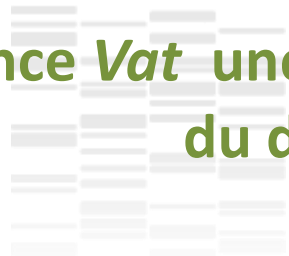
- R_{CMV} dans un contexte **non-*Vat*** : intensité moyenne du CMV = 0,3
- R_{CMV} dans un contexte ***Vat*** : intensité moyenne du CMV = 0,2



APRES 15 ANS de DEPLOIEMENT

- ⇒ L'effet de l'infection par le CMV est minimal quand la proportion R_{CMV} déployée est de 100%
- ⇒ Pas de différence dans un contexte *Vat* ou non-*Vat*
- ⇒ **Pas d'intérêt d'un pyramidage**

Les analyses plus globales suggèrent que lorsque l'intensité des épidémies est faible les infections ne proviennent pas majoritairement de la culture
⇒ l'effet de R_{virus} sera extrêmement durable



La résistance *Vat* une réponse au dilemme du déploiement des résistances classiques au CABYV ?

CABYV gamme d'hôtes restreinte, transmis par principalement par *Aphis gossypii*

Hyp = les sources d'inoculum ont principalement pour origine les parcelles voisines

On simule l'évolution des épidémies de CABYV

- R_{CABYV} dans un contexte **non-Vat** : intensité moyenne = **0,38**
- R_{CABYV} dans un contexte **Vat** : intensité moyenne = **0,25**

La résistance *Vat* une réponse au dilemme du déploiement des résistances classiques au CABYV ?

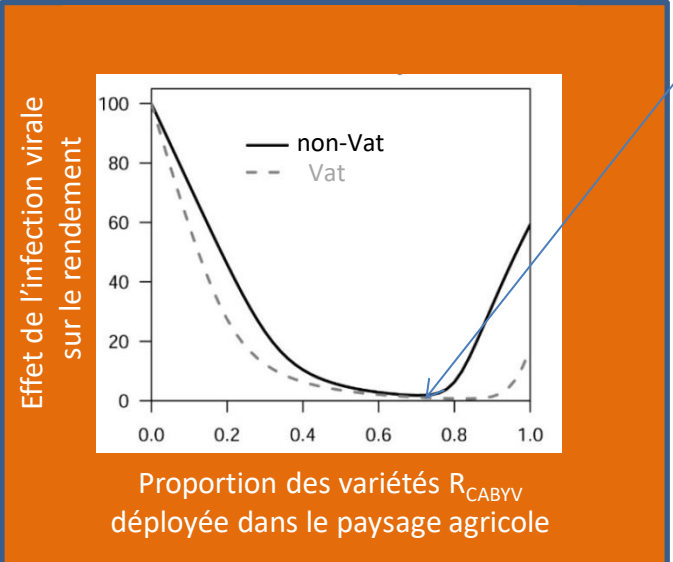
CABYV gamme d'hôtes restreinte, transmis par principalement par *Aphis gossypii*

Hyp = les sources d'inoculum ont principalement pour origine les parcelles voisines

On simule l'évolution des épidémies de CABYV

- R_{CABYV} dans un contexte **non-Vat** : intensité moyenne = **0,38**
- R_{CABYV} dans un contexte **Vat** : intensité moyenne = **0,25**

APRES 15 ANS de DEPLOIEMENT



- On peut minimiser l'effet du CABYV en déployant R_{CABYV} dans un contexte *Vat* ou non-*Vat*

La résistance *Vat* une réponse au dilemme du déploiement des résistances classiques au CABYV ?

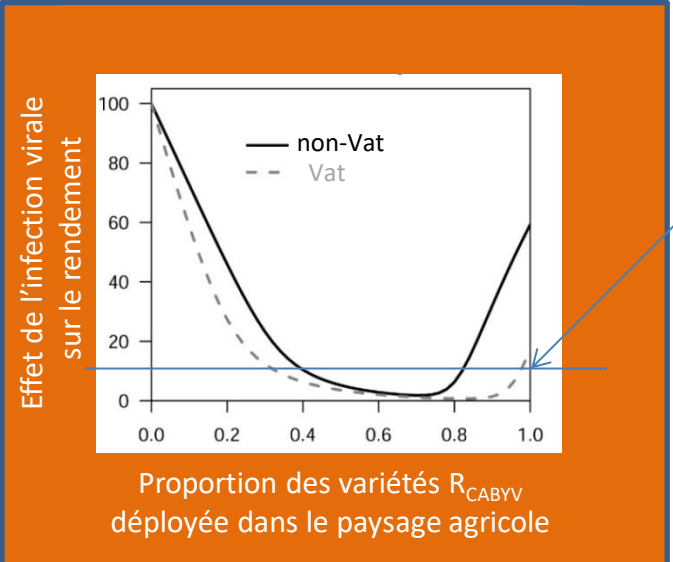
CABYV gamme d'hôtes restreinte, transmis par principalement par *Aphis gossypii*

Hyp = les sources d'inoculum ont principalement pour origine les parcelles voisines

On simule l'évolution des épidémies de CABYV

- R_{CABYV} dans un contexte **non-Vat** : intensité moyenne = **0,38**
- R_{CABYV} dans un contexte **Vat** : intensité moyenne = **0,25**

APRES 15 ANS de DEPLOIEMENT



- On peut minimiser l'effet du CABYV en déployant R_{CABYV} dans un contexte *Vat* ou non-*Vat*
 - **minimiser l'effet du CABYV à 10%**
- si des variétés non-*Vat* sont cultivées, R_{CABYV} **40-83% des parcelles**
- si des variétés *Vat* sont cultivées, R_{CABYV} & $R_{Agossypii}$ **32-97 % des parcelles**

La résistance *Vat* une réponse au dilemme du déploiement des résistances classiques au CABYV ?

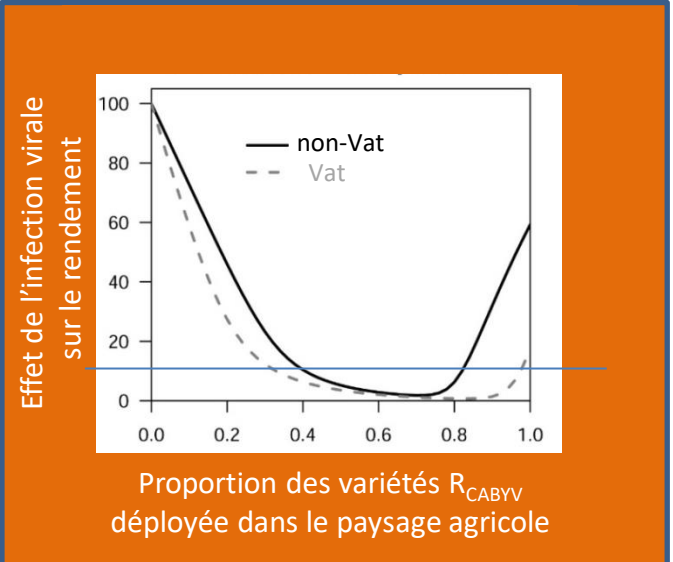
CABYV gamme d'hôtes restreinte, transmis par principalement par *Aphis gossypii*

Hyp = les sources d'inoculum ont principalement pour origine les parcelles voisines

On simule l'évolution des épidémies de CABYV

- R_{CABYV} dans un contexte **non-Vat** : intensité moyenne = **0,38**
- R_{CABYV} dans un contexte **Vat** : intensité moyenne = **0,25**

APRES 15 ANS de DEPLOIEMENT

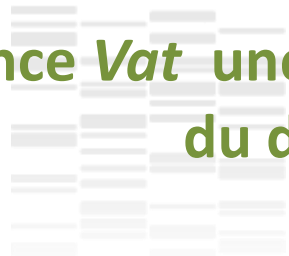


- On peut minimiser l'effet du CABYV en déployant R_{CABYV} dans un contexte *Vat* ou non-*Vat*
- **minimiser l'effet du CABYV à 10%**

si des variétés non-*Vat* sont cultivées, R_{CABYV} **40-83% des parcelles**

si des variétés *Vat* sont cultivées, R_{CABYV} & $R_{Agossypii}$ **32-97 % des parcelles**

=> R_{CABYV} & $R_{Agossypii}$ plus grande gamme de déploiement



La résistance *Vat* une réponse au dilemme du déploiement des résistances classiques au CABYV ?

CABYV gamme d'hôtes restreinte, transmis par principalement par *Aphis gossypii*

Hyp = les sources d'inoculum ont principalement pour origine la culture

On simule l'évolution des épidémies de CABYV,

- R_{CABYV} dans un contexte **non-Vat** : intensité moyenne = **0,38**
- R_{CABYV} dans un contexte **Vat** : intensité moyenne = **0,25**

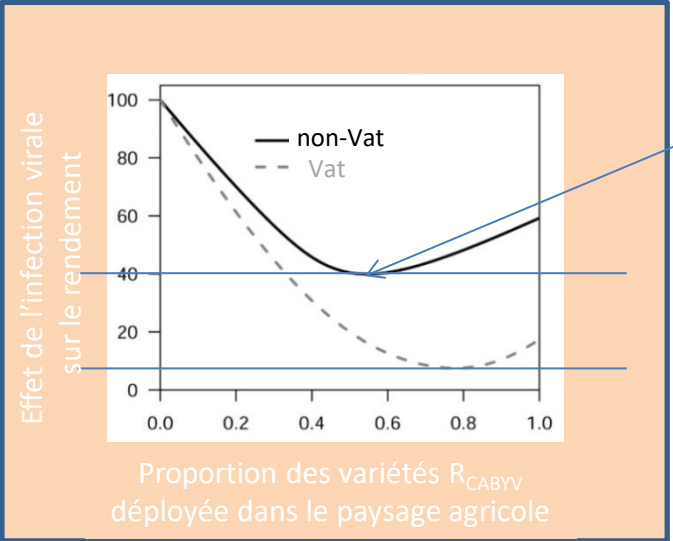
La résistance *Vat* une réponse au dilemme du déploiement des résistances classiques au CABYV ?

CABYV gamme d'hôtes restreinte, transmis par principalement par *Aphis gossypii*

Hyp = les sources d'inoculum ont principalement pour origine la culture

On simule l'évolution des épidémies de CABYV,

- R_{CABYV} dans un contexte **non-Vat** : intensité moyenne = **0,38**
- R_{CABYV} dans un contexte **Vat** : intensité moyenne = **0,25**



APRES 15 ANS de DEPLOIEMENT

- si des variétés non-Vat sont cultivées, \Rightarrow minimiser l'effet du CABYV (40%) en déployant une variété R_{CABYV} dans **55% des parcelles**

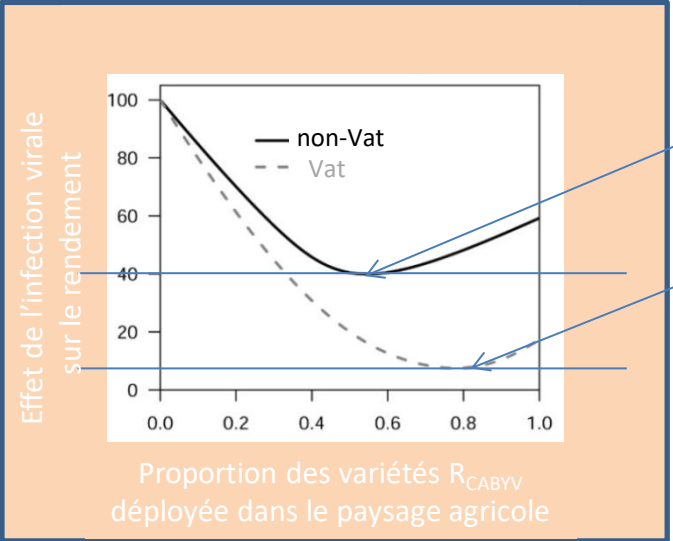
La résistance *Vat* une réponse au dilemme du déploiement des résistances classiques au CABYV ?

CABYV gamme d'hôtes restreinte, transmis par principalement par *Aphis gossypii*

Hyp = les sources d'inoculum ont principalement pour origine la culture

On simule l'évolution des épidémies de CABYV,

- R_{CABYV} dans un contexte **non-Vat** : intensité moyenne = **0,38**
- R_{CABYV} dans un contexte **Vat** : intensité moyenne = **0,25**



APRES 15 ANS de DEPLOIEMENT

- si des variétés *non-Vat* sont cultivées,
=> minimiser l'effet du CABYV (40%) en déployant une variété R_{CABYV} dans **55% des parcelles**
- si des variétés *Vat* sont cultivées,
=> minimiser l'effet du CABYV (8%), en déployant une variété R_{CABYV} & $R_{Agossypii}$ dans **78% des parcelles**

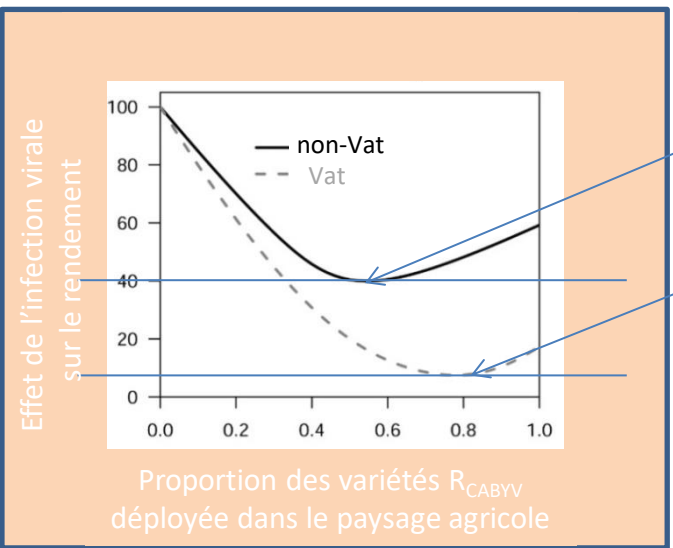
La résistance *Vat* une réponse au dilemme du déploiement des résistances classiques au CABYV ?

CABYV gamme d'hôtes restreinte, transmis par principalement par *Aphis gossypii*

Hyp = les sources d'inoculum ont principalement pour origine la culture

On simule l'évolution des épidémies de CABYV,

- R_{CABYV} dans un contexte **non-Vat** : intensité moyenne = **0,38**
- R_{CABYV} dans un contexte **Vat** : intensité moyenne = **0,25**



APRES 15 ANS de DEPLOIEMENT

- si des variétés *non-Vat* sont cultivées,
 => minimiser l'effet du CABYV (40%) en déployant une variété R_{CABYV} dans **55% des parcelles**
- si des variétés *Vat* sont cultivées,
 => minimiser l'effet du CABYV (8%), en déployant une variété R_{CABYV} & $R_{Agossypii}$ dans **78% des parcelles**

=> R_{CABYV} & $R_{Agossypii}$ meilleure efficacité du déploiement plus grande gamme de déploiement

Retenir

La résistance 'Vat' aux pucerons est très probablement **un facteur de durabilité des R_{virus}** si

A. gossypii est le vecteur principal

Les sources d'inoculum sont les parcelles voisines ou la parcelle elle-même

L'association $R_{\text{virus}}/R_{\text{vecteur}}$ est à envisager pour d'autres systèmes

Aleurodes/begomovirus (tomate, melon)

Thrips/TSWV (solanacées)

.....

Nos financeurs



Projet VirAphid 2011-2015



CTPS 2007-2010
Contrat de Branche 2008-2011

