



HAL
open science

Evaluation de la durabilité de résistances végétales par la mesure de l'évolution de populations virales. Résumé

Josselin Montarry, Benoît Moury, Mireille Jacquemond

► To cite this version:

Josselin Montarry, Benoît Moury, Mireille Jacquemond. Evaluation de la durabilité de résistances végétales par la mesure de l'évolution de populations virales. Résumé. 12. Rencontres de virologie végétale, Jan 2009, Aussois, France. 1 p. hal-02813969

HAL Id: hal-02813969

<https://hal.inrae.fr/hal-02813969>

Submitted on 6 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.

25. Evaluation de la durabilité de résistances végétales par la mesure de l'évolution de populations virales

J. Montarry, B. Moury et M. Jacquemond

INRA, UR407 Pathologie Végétale, Domaine St-Maurice, BP 94, 84143 Montfavet cedex, France

La création et l'utilisation de plantes hôtes qui résistent aux parasites est un moyen de protection des cultures qui peut limiter l'utilisation des pesticides ; mais pour que ce moyen de lutte soit efficace, il est nécessaire de rendre les résistances durables. L'étude de la durabilité des résistances doit intégrer des connaissances sur l'évolution des populations pathogènes, puisque la durabilité d'une résistance est une mesure de la vitesse d'adaptation des populations pathogènes à la sélection qu'exerce cette résistance.

Les résistances partielles (polygéniques) semblent être plus durables que les résistances totales (mono ou oligogéniques). Toutefois, il existe peu de données concernant le niveau de variabilité des populations pathogènes vis-à-vis des résistances quantitatives. Comprendre pourquoi les résistances polygéniques sont davantage durables que les résistances monogéniques est un enjeu scientifique majeur pour la recherche fondamentale comme pour la recherche appliquée.

Les interactions plantes - virus sont des modèles d'étude particulièrement intéressants pour aborder cette question de recherche. La grande taille des populations, le temps de génération court et le taux de mutation important confèrent aux populations virales une capacité d'évolution rapide. Ainsi, les forces sélectives et leurs conséquences sur la structure des populations pathogènes sont rapidement explorables et généralisables.

Le projet de recherche présenté ici propose d'analyser et de comparer l'impact de différents systèmes génétiques de résistance sur des populations virales en mesurant les paramètres intervenant lors de l'adaptation virale. Ces analyses se feront sur deux interactions piment - virus (Potato virus Y et Cucumber mosaic virus).

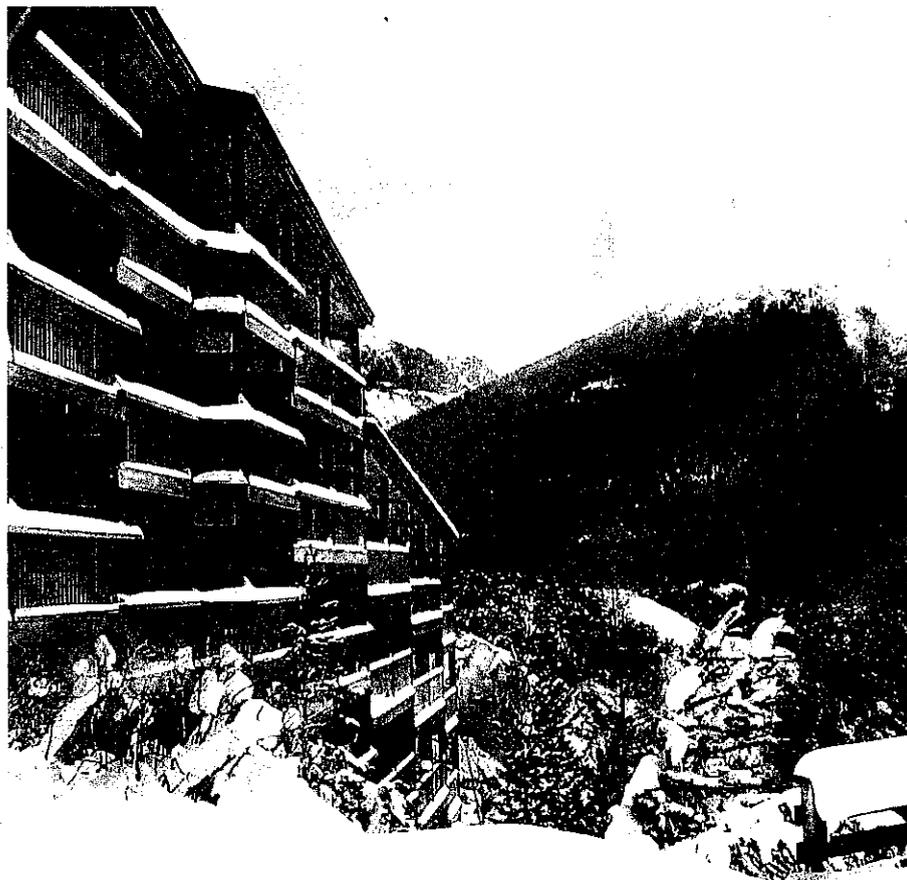
L'impact de résistances polygéniques et monogéniques sera comparé sur des populations virales avirulentes ou bien possédant certaines des mutations impliquées dans la virulence, en inoculations simples ou multiples. La fitness des variants viraux sera mesurée et comparée entre des populations ayant évoluées sur différentes lignées de piment présentant différents niveaux de résistance, mais également entre les populations ayant subi la pression de sélection et les populations ancestrales correspondantes afin de mettre en évidence d'éventuels coûts d'adaptation. L'utilisation du pyroséquençage permettra de disposer d'un grand nombre de séquences des régions virales impliquées dans la virulence, de repérer des mutants peu fréquents et de quantifier précisément les proportions relatives des mutants apparus au cours de l'infection des plantes. Les capacités d'invasion et de compétition des différents variants viraux seront évaluées et comparées.

Ceci permettra de quantifier la fréquence relative d'apparition des variants virulents dans les populations virales en fonction du type et du nombre de mutations requis pour la virulence, et de déterminer quel est l'impact des différents systèmes génétiques chez l'hôte sur la cinétique d'accumulation des différents variants viraux. Ces informations permettront de distinguer l'impact des fréquences initiales de mutations et de l'effet ultérieur de la sélection imposée par les plantes hôtes, mais également de relier ces données à la durabilité des résistances mono- ou polygéniques et d'initier la mise au point d'outils pour inclure la durabilité des résistances dans les schémas de sélection variétale et d'identification de stratégies de déploiement des résistances dans le temps et l'espace, afin d'éviter l'adaptation des populations pathogènes aux résistances des plantes.

FVV

Zones

rencontres de virologie végétale



Aussisols du 18 au 22 janvier 2009

