Fonds commun INRA/CIRAD
année 2001 - Projet n°23

Modélisation des épidémies de champignons responsables de maladies foliaires de plantes

Jean Carlier*

Le développement de modèles de simulation des épidémies de champignons aériens (responsable de maladies foliaires) et d'outils d'analyse des populations pathogènes s'impose pour évaluer l'efficacité et la durabilité des modes de gestion des résistances variétales. De tels travaux ont été conduits dans le cadre de ce projet sur deux pathosystèmes différents, les maladies foliaires du bananier (équipe CIRAD) et du blé (équipe INRA).

Une dynamique de collaboration entre les équipes a été entretenue par l'organisation régulière de réunions de travail. L'ambition originelle du projet étant très vaste, les premières réunions nous ont tout d'abord permis de recentrer notre action autour de certaines études. Les autres réunions nous ont été ensuite très utiles pour orienter ces études, discuter les résultats obtenus et dégager des perspectives. Ces études et les résultats majeurs obtenus sont les suivants :

Analyse génétique des populations et épidémiologie : Dans la cas du bananier, nous avons quantifié chez *Mycosphaerella fijiensis* (maladie des raies noires) la dispersion et les flux de gènes par les ascospores. L'étude du gradient de maladie dans une parcelle nous a permis d'estimer une distance moyenne de dispersion des ascospores de 30 mètres environ. Des analyse génétiques selon le modèle d'isolement par la distance à l'échelle de zones de production ont été réalisées et apparaissent cohérentes avec cette estimation. Nous avons également tenté de mettre en évidence une sélection sur l'agressivité des populations pathogènes par la résistance partielle de l'hôte. L'évolution de populations pathogènes a été comparée entre des parcelles contiguës de bananiers sensibles ou partiellement résistants. Les résultats des analyses génétiques suggèrent que les flux de gènes pourraient contrebalancer un éventuel effet sélectif dans le dispositif utilisé. Dans le cas du blé, la structure des populations de *Puccinia triticina* (rouille brune) en France a été analysée. La population de rouille brune apparaît comme homogène géographiquement à l'échelle de la France, mais fortement différentiée selon les variétés de blé échantillonnées. Les analyses suggèrent à la fois une forte migration à l'échelle du territoire et une forte sélection par l'hôte. Nous faisons l'hypothèse que cette sélection ne s'exerce pas uniquement sur les virulences spécifiques mais également sur l'agressivité.

Modélisation : Dans le cas du bananier, un modèle à l'échelle de la parcelle sur la base des connaissances biologiques disponibles est en cours de développement. Dans le cas du blé, un premier modèle de gestion des résistances est également en cours d'élaboration et a fourni une première série de résultats. Ce modèle permet d'étudier l'impact de la distribution spatiale de différents types de parcelle (mélange variétal ou culture pure) dans une région sur le contrôle des épidémies.

* CIRAD, UMR BGPI, Montpellier

Contact : Jean Carlier, CIRAD, jean.carlier@cirad.fr

La dynamique de collaboration de ce projet nous a permis d'orienter nos études, d'obtenir des résultats expérimentaux, d'analyser de façon plus approfondie les résultats et, en général, d'affiner notre démarche. En perspective, il apparaît pertinent d'étudier de façon plus approfondie la sélection exercée par la résistance de l'hôte sur l'agressivité des populations pathogènes. Une telle étude pourrait être réalisée par une approche de génétique des populations expérimentale, en association avec un écologue théoricien, et en couplant le développement de modèles avec la mise en place d'expérimentations ciblées.