

Comment utiliser les modèles

Le **modèle INRA** peut être utilisé pour concevoir des stratégies adaptées pour le déploiement géographique des cultivars résistants et d'autres sources d'hétérogénéité pouvant prévenir l'apparition et la dissémination de la maladie.

Applications pratiques & théoriques :

- Concevoir des stratégies de diversification des cultures hôtes pour gérer les résistances dans les agro-écosystèmes et la sylviculture.
- Enseignement de l'épidémiologie végétale.

**Le Laboratoire Virtuel d'ENDURE propose une description détaillée du logiciel « MARCUS »..

Le **modèle WUR** permet de déterminer les effets et les bénéfices résultant d'un aménagement du paysage agricole basé sur le déploiement des résistances – influençant l'hétérogénéité spatiale – et le potentiel de dispersion par voie aérienne des pathogènes et leur potentiel de suppression de la maladie à différentes échelles spatiales.

Applications pratiques & théoriques :

Après des :

- Responsables des politiques agricoles au niveau national et au niveau européen.
- Coopératives agricoles de taille importante.
- Conseillers agricoles.
- Enseignement de l'épidémiologie..

Le **modèle AU** est le plus simple à utiliser. Il permet une projection rapide de l'évolution des populations pathogènes et leur composition par race à long terme en fonction des différents types, sources et modes de déploiement des résistances (rotation des gènes contre pyramiding des gènes).

Practical & Theoretical destinations:

- Définir des hypothèses et des concepts pour élaborer des stratégies de gestion des résistances.
- Former les agriculteurs aux questions de génétique liées à l'épidémiologie végétale et la protection des cultures.

L'utilisation de cultivars résistants est une solution clé pour un contrôle durable et écologique des maladies dans le cadre d'une agriculture moderne. Cette solution est cependant menacée par la capacité des pathogènes à s'adapter et surmonter la résistance des différents cultivars. Trois outils de modélisation ont été développés pour étudier les mécanismes et le processus d'adaptation des pathogènes.

Ces modèles permettent d'évaluer l'impact des différentes stratégies de déploiement des cultivars présentant des types et des sources de résistance différents sur l'évolution des pathogènes, ainsi que le développement et la dissémination de la maladie. Grâce à ces modèles, il est possible de concevoir des stratégies durables pour le déploiement des résistances à l'échelle temporelle et spatiale, permettant de contrôler les problèmes liés à la maladie et minimiser les risques sanitaires, comme par exemple l'apparition de nouvelles souches virulentes ou des 'supers races' de pathogènes.

Participants

Aarhus University (AU), Danemark;
Institut National de la Recherche Agronomique (INRA),
France;
Wageningen Plant Research International (WUR),
Pays-Bas

www.endure-network.eu



Coordinateur ENDURE (Pierre Ricci) ~ endure.coord@sophia.inra.fr

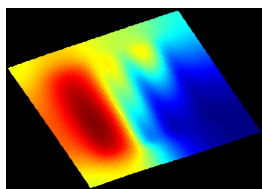


**Conceptualiser la
gestion des maladies
grâce à l'utilisation de
cultivars résistants :
trois modèles simulant
les interactions hôte-
agent pathogène**



Qualité et Sécurité Alimentaire
6ème PROGRAMME-CADRE

Modèle de réaction-diffusion des interactions hôte-agent pathogène (INRA)



Le modèle [1] simule la dynamique spatio-temporelle des interactions hôte / génotypes de l'agent pathogène dans un espace bidimensionnel.

Il permet d'étudier l'évolution et la dynamique d'invasion de l'agent pathogène sur la structure spatiale et génétique de la population hôte.

Données relatives à l'hôte

- Données sur l'évolution temporelle de l'indice de surface foliaire.
- Scénarii pour l'arrangement spatial des cultures résistantes : (i) taille du champ, (ii) nombre de variétés, (iii) et leur arrangement géométrique à l'échelle spatiale donnée.

Données relatives à l'agent pathogène

- Déplacement carré moyen des organismes par unité de temps après leur libération
- Dynamique des pathogènes en présence de variétés sensibles caractérisées par l'intensité de la contamination
- Fitness différentiel à l'intérieur de la population pathogène évalué en fonction du différentiel du taux de reproduction.

Informations générées

- Dynamique de densification de la population pathogène dans le temps et dans l'espace.
- Densité moyenne de la population pathogène, intensité de l'infestation.
- Structure génétique de l'agent pathogène.

1. Sapoukhina N., Durel CE., Le Cam B. 2009. Spatial deployment of gene-for-gene resistance governs evolution and spread of pathogen populations. *Theoretical Ecology* 2 : 229–238

Contact: Natalia.Sapoukhina@angers.inra.fr

Modélisation de la dissémination épidémique à grande échelle (WUR)

L'interface du modèle [2] permet la modélisation de milieux et comprend un modèle épidémiologique (mildiou de la pomme de terre) qui intègre le cycle de vie de l'hôte et de l'agent pathogène, la gestion des fongicides et un modèle de dispersion atmosphérique adapté à l'environnement paysager.

Milieux étudiés

Région de 6.4 x 6.4 km avec végétation non-hôte. Configuration de la surface occupée par la culture hôte dans le milieu, taille des parcelles, degré de disposition en mosaïque des parcelles et potentiel de dissémination de l'agent pathogène en fonction des objectifs de l'étude. Dix régions aléatoires et des données météorologiques sur 30 ans ont été compilés pour concevoir les paramètres de création des milieux.

Données relatives à l'hôte

- Niveau de résistance (partielle) de l'hôte sensible ou résistant.
- Surface occupée par l'hôte sensible/résistant.
- Répartition entre les champs ou à l'intérieur des champs.

Données relatives à l'agent pathogène

- Potentiel de dissémination : variabilité de la vitesse de chute et de la sensibilité aux UV des propagules disséminées par voie aérienne.
- Les mécanismes de base de la pathogénèse chez l'hôte sont définis par un modèle épidémiologique (mildiou de la pomme de terre).

Informations générées

- Les effets de l'aménagement du paysage et des caractéristiques de l'hôte et de l'agent pathogène sont évalués d'après leur incidence sur le milieu.

•2. Peter Skelsey, Walter A. H. Rossing, Geert J. T. Kessel, and Wopke van der Werf. Invasion of *Phytophthora infestans* at the Landscape Level: How Do Spatial Scale And Weather Modulate The Consequences Of Spatial Heterogeneity In Host Resistance? *Phytopathology*, In Press.

Contact: Geert.Kessel@WUR.NL

Modèle parcimonieux de l'évolution de la population pathogène (AU)

Ce modèle reproduit le système de l'agent pathogène en phase haploïde à trois loci et deux allèles (virulent/avirulent) en interaction avec les loci et allèles correspondants (résistants ou sensibles) déterminant une résistance absolue de l'hôte (R). L'utilisation de ce modèle a été étendue à l'étude de la résistance partielle (QTLs) pour différents coûts biologiques associés à la virulence du pathogène. Il calcule la fréquence relative des individus appartenant aux différents génotypes du pathogène sur plusieurs saisons consécutives.

Données relatives à l'hôte

- Surface des cultures comprenant des génotypes hôte présentant une résistance particulière (gène R et/ou QTL) totale ou partielle sur plusieurs saisons de culture consécutives.
- Résistances spécifiques et partielles des génotypes hôte.
- Degré d'efficacité des résistances individuelles.

Données relatives à l'agent pathogène

- Fréquence initiale des génotypes du pathogène.
- Coûts biologiques associés à la virulence des différents génotypes.

Informations générées

- Fréquence des génotypes du pathogène à long terme.
- Fréquence des allèles de virulence à long terme.
- Déséquilibre de liaison à long terme.
- Fitness moyen du pathogène.
- Résumé des analyses statistiques.

Contact: Hans.Pinnschmidt@agrsci.dk