



**INRAE**



**2010-2019 : 10 ans de recherche au département  
Santé des Plantes et Environnement**

Pour une agriculture durable et responsable

# Sommaire

Introduction de Christian Lannou et Olivier Le Gall .....	P3
Des systèmes innovants pour réduire l'utilisation des pesticides en verger .....	P4
Des signaux symbiotiques d'un champignon stimulent le développement racinaire d'une plante .....	P5
Décryptage du génome du champignon responsable de la nécrose du collet du colza .....	P6
Un bioinsecticide d'origine végétale trouve sa cible .....	P7
Di@gnoPlant® : des applications mobiles en protection des plantes .....	P8
Des bactéries permettent à des insectes de résister aux attaques de leurs ennemis .....	P9
Comparaison des performances environnementales de vergers de pommiers par Analyse de Cycle de Vie .....	P10
Plasticité olfactive des insectes : sexe ou nourriture, il faut choisir .....	P11
Détermination du sexe : une base génétique commune aux abeilles, bourdons et fourmis .....	P12
Rôle de la membrane plasmique de la plante dans son mécanisme de défense .....	P13
Des odeurs pour protéger les cultures contre les insectes ravageurs .....	P14
Lutter plus proprement contre les nématodes ravageurs de cultures en ciblant des gènes spécifiques à ces espèces .....	P15
Les insectes recyclent leurs bactéries symbiotiques quand leur bénéfice devient caduc .....	P16
Les gènes symbiotiques voyagent accompagnés d'accélérateurs d'évolution .....	P17
Une région du chromosome X du puceron du pois responsable de la perte du sexe .....	P18
L'Arabette se défend contre une bactérie redoutable en produisant un leurre .....	P19
Mobilisation collective autour de nouveaux risques de contamination de la vigne par la Flavescence dorée .....	P20
Route d'invasion de la mineuse de la tomate : du centre du Chili au bassin méditerranéen .....	P21
La diversité des plantes accroît la durabilité de leur résistance .....	P22
Evaluer le coût de la virulence bactérienne lors de l'infection des plantes .....	P23
Vers une meilleure estimation du risque d'invasion d'arthropodes de quarantaine en Europe .....	P24
Le flair d'un papillon ravageur passé au crible .....	P25
Un modèle stratège pour optimiser la gestion d'une épidémie .....	P26
Les pyrales se réfugient au collet des cannes de maïs pour éviter les moissonneuses-batteuses .....	P27
L'agriculture biologique favorise la régulation des bioagresseurs .....	P28
Compétition alimentaire entre abeilles sauvages et abeilles de l'apiculture dans les zones protégées .....	P29
Des modèles mathématiques pour gérer durablement les gènes de résistance aux maladies des plantes .....	P30
Découverte d'un mode de vie pluricellulaire pour un virus, une première en virologie .....	P31
La coopération au sein du réseau fongique permet au Sclerotinia de diversifier ses victimes .....	P32
Le carabe, un prédateur au service de l'agriculture .....	P33

Le département Santé des Plantes et Environnement (SPE) d'INRAE a pour finalité la protection et la santé des cultures dans le respect de l'environnement, de la plante au paysage.

## Christian Lannou

(chef de département SPE 2013-2021)



Cette magnifique compilation résume et illustre ce qu'est la recherche actuelle dans le domaine de la protection des plantes. La diversité des questions, des approches, mais aussi des organismes étudiés est fascinante. Elle témoigne à la fois de l'intérêt et de la difficulté de notre travail : traiter de questions fondamentales sur les interactions entre organismes vivants tout en apportant des connaissances mobilisables dans la pratique. Les équipes de recherche du département SPE d'INRAE réussissent cet exploit permanent, et ils arrivent à le faire non pas sur quelques organismes « modèles d'étude » mais sur une grande variété d'espèces : agents pathogènes de diverses natures, insectes ravageurs, organismes bénéfiques et, bien sûr, plantes cultivées et adventices. Ces trente histoires de recherche ne sont qu'une petite sélection des résultats obtenus ces dix dernières années mais, comme l'ensemble de nos travaux, elles concourent à faire évoluer la protection des cultures vers des pratiques agroécologiques, avec une meilleure conscience des risques et bénéfiques des approches mobilisées. Elles font cela sur la base de connaissances solides et d'outils innovants, mis à la disposition des praticiens. C'est un grand honneur de travailler pour un tel collectif, dont j'ai reçu les rennes d'Olivier Le Gall en 2013 et que nous avons tous deux conduits dans le souci de l'excellence scientifique et du service à une agriculture durable.

## Olivier Le Gall

(chef de département SPE 2006-2012)



La recherche est une activité de moyen et de long terme. Quel plaisir, par conséquent, que de lever la tête du guidon et de contempler un échantillonnage de dix années d'histoire de la recherche en santé des plantes à l'INRA, à présent INRAE ! En 2006, dans la foulée d'une expertise collective mettant en évidence une utilisation trop systématique du levier chimique en protection des plantes, la direction de l'INRA m'avait missionné pour stimuler les approches d'écologie disciplinaire (on ne disait pas encore agro-écologie) dans la quarantaine d'unités de recherche que comptait alors le département. Ne plus se contenter de comprendre les organismes et leurs interactions, ce que nous faisons déjà très bien, mais les placer dans le contexte populationnel, évolutif et communautaire qui est bien celui de leur environnement : vaste ambition, complétée peu après par le méta-programme SMaCH (Sustainable Management of Crop Health) qui l'élargissait à la composante humaine et praticienne de cet environnement. La présente rétrospective valide les choix qui avaient été faits à l'époque par l'INRA de s'appuyer, pour relever ces grandes ambitions, sur une communauté de recherche exceptionnelle par la diversité de ses approches et de ses compétences.



© INRAE, Pierre-Eric LAURI

# Des systèmes innovants pour réduire l'utilisation des pesticides en verger

## 2010

**U**n dispositif novateur a été implanté pour évaluer neuf systèmes de production en verger de pommiers. Les systèmes combinant une faible sensibilité variétale, des alternatives à la lutte chimique et une prédiction fine du risque lié aux bio-agresseurs permettent de réduire de 50 % l'utilisation des pesticides. Pour certains de ces systèmes, l'impact environnemental peut être diminué sans réduction des performances agronomiques.

#### Contact :

Sylvaine SIMON  
sylvaine.simon@inrae.fr  
INRAE, UER10695 Gotheron, Centre de recherche  
Provence-Alpes-Côte d'Azur

#### Mots-clés :

arbre fruitier, performance, pesticide, pommier, verger

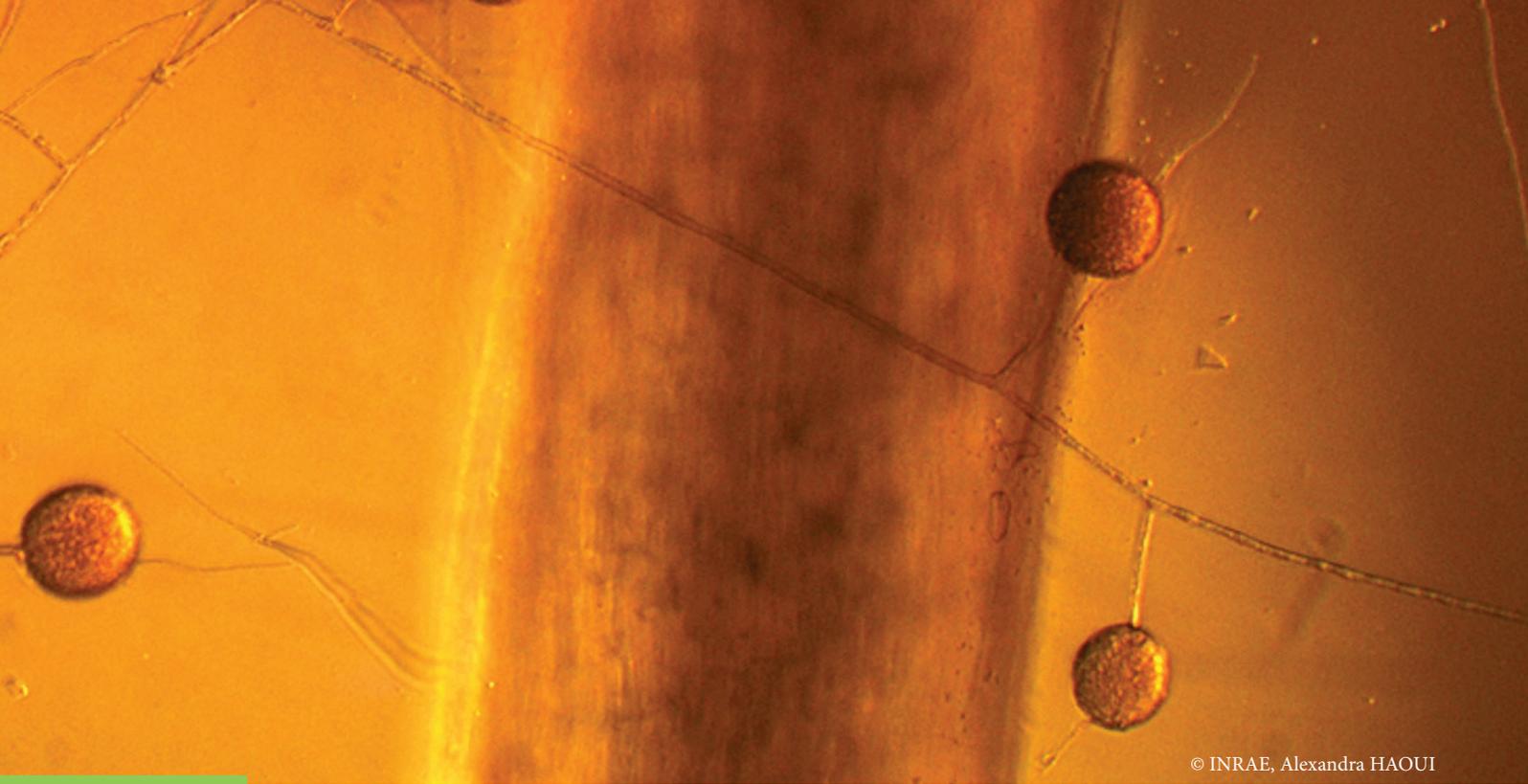
DOI : 10.1007/s13593-011-0003-7

La production de fruits est largement tributaire de l'utilisation des pesticides pour limiter les dégâts dus aux nombreux ravageurs et maladies des arbres fruitiers. En verger de pommiers, le nombre moyen de traitements est particulièrement élevé. Le développement de stratégies de protection limitant le recours aux pesticides est une priorité pour limiter la contamination de l'environnement, l'exposition du personnel agricole à ces produits et pour une production de fruits durable.

Le dispositif BioREco a permis d'évaluer 9 systèmes de production en verger de pommiers de 2005 à 2015, en combinant 3 modes de protection (Raisonné, Econome en intrants, Agriculture Biologique) et 3 variétés de sensibilité différente à la tavelure (sensible, peu sensible, résistante). Par rapport au système le plus traité (Raisonné, variété sensible), une réduction moyenne

de l'utilisation des pesticides de l'ordre de 50 % a été permise par l'intégration dans le système :  
- de variétés peu sensibles ou résistantes aux principales maladies,  
- de méthodes de contrôle des bio-agresseurs alternatives à la lutte chimique et/ou à effet partiel (désherbage mécanique, lutte par confusion sexuelle, prophylaxie...),  
- d'une évaluation précise du risque de dégâts par les bio-agresseurs à l'échelle de la parcelle (contrôles, modèles de prédiction), tout en acceptant une prise de risques plus importante.

Pour certains systèmes utilisant moins de pesticides, l'impact environnemental peut être réduit sans diminution des performances agronomiques.



© INRAE, Alexandra HAOUÏ

## Des signaux symbiotiques d'un champignon stimulent le développement racinaire d'une plante

# 2010

**D**ans le cadre de l'étude des interactions plantes-microorganismes, des signaux symbiotiques sécrétés par un champignon mycorhizien à arbuscules, *Glomus intraradices* (aujourd'hui renommé *Rhizophagus irregularis*), ont été purifiés et caractérisés. Ces signaux, appelés facteurs Myc, sont des lipochitoooligosaccharides (LCO) qui stimulent le développement racinaire et la mycorhization d'espèces appartenant à diverses familles de plantes.

### Contact :

Fabienne MAILET  
fabienne.maillet@inrae.fr  
INRAE, UMR0441 LIPME Laboratoire des Interactions Plantes Microbes Environnement, Centre de recherche Occitanie-Toulouse

### Mots-clés :

champignon mycorhizien, facteur Myc, légumineuse, mycorhization, racine

DOI : 10.1038/nature09622

La symbiose racinaire entre les champignons endomycorhiziens à arbuscules et les plantes est apparue il y a plus de 400 millions d'années. Très répandue, elle concerne plus de 80 % des espèces végétales, et joue un rôle écologique et agronomique considérable. Par le développement de longs réseaux de filaments mycéliens, le partenaire fongique forme une extension des racines qui permet une meilleure exploitation des ressources hydriques et minérales du sol par la plante. A partir de cette symbiose, les plantes de la famille des légumineuses ont pu évoluer pour acquérir la capacité d'établir une symbiose fixatrice d'azote avec les bactéries du sol, les Rhizobium.

Dans cette étude les chercheurs ont montré que *Rhizophagus irregularis* sécrète des signaux symbiotiques qui sont un mélange de LCO, sulfatés ou non, qui stimulent le développement racinaire de la plante et la formation de mycorhizes à arbuscules chez

certaines plantes. Ces molécules ont une structure proche de celle des facteurs Nod, sécrétés par les bactéries du genre Rhizobium pour établir la symbiose fixatrice d'azote avec les légumineuses.

Ces résultats permettent une meilleure compréhension de l'évolution des mécanismes de signalisation impliqués dans l'établissement des endosymbioses racinaires végétales. Ils ouvrent la voie à l'utilisation de ces molécules naturelles très actives, pour stimuler la croissance des plantes. Un brevet a ainsi été déposé sur l'utilisation de ces molécules en agriculture.

Des études récentes suggèrent que la production de LCO est courante parmi les champignons (pas seulement symbiotiques) et que les LCO peuvent fonctionner comme des signaux régulant la croissance et le développement des champignons eux-mêmes.



© INRAE, Brigitte CAUVIN

# Décryptage du génome du champignon responsable de la nécrose du collet du colza

## 2010

**U**n consortium de chercheurs internationaux ont décrypté le génome du champignon *Leptosphaeria maculans* responsable de la nécrose du collet du colza. Principal champignon pathogène du colza, son génome présente une structure originale constituée de deux types de compartiments. Cela favorise son évolution et son adaptation rapide à sa plante hôte, et en fait un ennemi redoutable et redouté des producteurs de colza.

### Contact :

Thierry ROUXEL  
thierry.rouxel@inrae.fr  
INRAE, UMR1290 BIOGER BIOlogie et Gestion des Risques en agriculture, Centre de recherche Versailles-Grignon

### Mots-clés :

champignon, colza, génome, nécrose du collet, résistance

DOI : 10.1038/ncomms1189

La maladie de la nécrose du collet du colza provoquée par le champignon pathogène *Leptosphaeria maculans* est responsable d'une diminution de la production nationale de 5 à 20 %. La lutte chimique étant peu efficace et difficile à mettre en place, la sélection et l'utilisation de variétés de colza naturellement résistantes au champignon sont privilégiées. Cependant cet agent pathogène montre un potentiel évolutif et les résistances variétales peuvent être contournées.

Le séquençage du génome de ce champignon a révélé une récente invasion par un cortège d'éléments transposables, regroupés dans des compartiments génomiques contenant peu de gènes. Or, les gènes qui ont un rôle important dans le processus infectieux sont aussi regroupés dans ces régions riches en éléments répétés. Des gènes codant pour des protéines sécrétées facilitant l'infection, appelées effecteurs y sont également présents. Ces effecteurs

ont la particularité de ne pas avoir de fonction connue et d'être spécifiques de *Leptosphaeria maculans*. L'insertion récente d'éléments transposables, qui viennent « parasiter » le génome, favorise la multiplication et la diversification des gènes codant pour les effecteurs.

Le séquençage de ce génome si particulier a contribué à l'établissement de nouveaux concepts évolutifs, généralisables à d'autres phytopathogènes (notion de « génome à deux vitesses ») et a permis de montrer l'importance de régulations épigénétiques (permettant des adaptations rapides d'un organisme sans mutations de la séquence d'ADN) dans la pathogénèse. Il éclaire sur la manière dont *L. maculans* s'est adapté et s'adapte constamment au colza et à ses résistances et offre de nouvelles pistes de recherche pour l'identification de sources de résistance alternatives et une gestion plus durable des résistances génétiques du colza.



© INRAE, Jean WEBER

## Un bioinsecticide d'origine végétale trouve sa cible

# 2011

**P**A1b est une petite protéine extraite du pois, une graine couramment consommée par l'homme et les animaux, mais toxique pour certains insectes ravageurs de cultures. PA1b, en se fixant spécifiquement sur une protéine de l'intestin de l'insecte, conduit à la mort de celui-ci. Cette molécule au fort potentiel d'utilisation en biocontrôle pourrait être une alternative à l'utilisation d'insecticides chimiques.

### Contact :

Frédéric GRESSENT  
frédéric.gressent@inrae.fr  
INRAE, UMR1342 LSTM Laboratoire des Symbioses  
Tropicales et Méditerranéennes, Centre de recherche  
Occitanie-Montpellier

### Mots-clés :

biocontrôle, bioinsecticide, pois, protéine, ravageur

DOI : 10.1074/jbc.M111.281055

Les céréales sont protégées presque exclusivement par l'emploi d'insecticides chimiques, nocifs pour le consommateur comme pour l'environnement. La recherche sur la toxine PA1b a pour objectif la protection des céréales contre certains de ses plus importants ravageurs tels que les charançons des céréales en favorisant des solutions de biocontrôle.

Les chercheurs ont montré que PA1b était capable de se fixer spécifiquement sur une protéine de l'intestin (appelée V-ATPase) de l'insecte, et d'en inhiber le fonctionnement. La V-ATPase est une pompe à protons, dont l'action acidifie la lumière de l'intestin de l'insecte. Cette acidification apporte l'énergie nécessaire au transport des nutriments issus de la digestion de l'intestin vers l'animal.

En déterminant sa cible chez l'insecte, il est possible d'étudier pourquoi la toxine tue les insectes et est sans effet sur d'autres organismes.

La V-ATPase étant présente chez tous les organismes eucaryotes, il est nécessaire de savoir pourquoi PA1b interagit avec la V-ATPase des insectes mais pas avec celle, par exemple, des mammifères. Les données obtenues viennent renforcer d'autres résultats sur les V-ATPases en tant que cible privilégiée pour la lutte contre des ravageurs majeurs, comme les charançons, la chrysomèle *Diabrotica* ou les moustiques. La découverte de la cible V-ATPase chez l'insecte pourrait aboutir à la découverte de nouvelles molécules insecticides ayant la même cible que PA1b.

Depuis 2011, les chercheurs ont décortiqué au niveau moléculaire l'interaction entre PA1b et la V-ATPase. Cela permet de rendre la toxine plus efficace et de prévoir quels organismes seront sensibles ou résistants à la toxine, afin de prévenir des effets non désirés sur des insectes auxiliaires (coccinelles, abeilles...) ou sur les mammifères.



© INRAE, Dominique BLANCARD

## Di@gnoPlant® : des applications mobiles en protection des plantes

# 2011

**L**identification précoce et fiable des maladies, une épidémiologie performante, la préconisation de méthodes de protection optimisées sont des services contribuant à réduire notablement l'usage des pesticides. Pour faire face à ces challenges, le portail Web e-phytia® en protection des plantes a été lancé en 2011, et les applications mobiles de diagnostic et de conseil de Di@gnoPlant® constituent un continuum de services en protection des plantes, du Web au terrain.

### Contact :

Jean-Marc ARMAND  
jean-marc.armand@inrae.fr  
INRAE, UMR1065 SAVE Santé et Agroécologie du Vignoble, Centre de recherche Nouvelle-Aquitaine-Bordeaux

### Mots-clés :

diagnostic, diagnoPlant, e-phytia, expertise, santé végétale

Les structures de diagnostic font cruellement défaut aux producteurs et aux techniciens agricoles de nombreuses filières qui doivent gérer des systèmes de production complexes et diversifiés, et qui sont confrontés à l'émergence de nombreux bioagresseurs. Aujourd'hui, la protection des plantes se doit d'être technique, performante, durable et respectueuse de l'environnement. Aussi, les acteurs du terrain sont demandeurs de connaissances et d'expertises en santé végétale émanant notamment d'INRAE.

Dans le cadre de la réduction significative de l'utilisation des pesticides dans les cultures, l'identification précoce et fiable des maladies ainsi qu'une bonne connaissance de leur répartition sur le territoire sont une garantie de la pertinence et de l'efficacité des méthodes de protection sanitaire.

Pour faire face à ce challenge, le

portail Web e-Phytia® en protection des plantes a été développé et propose des outils de diagnostic/ conseil et divers modules qui permettent notamment de connaître le profil de bioagresseurs et de maladies d'une culture donnée, de réaliser l'identification d'une maladie grâce à des outils d'identification guidée et/ou par l'image, et d'accéder à des fiches de renseignements détaillées.

Des versions pour smartphones et tablettes ont été diffusées sous le nom de Di@gnoplant® afin de réaliser sur le terrain du diagnostic et du conseil en protection des plantes. Elles permettent non seulement d'identifier visuellement la quasi-totalité des maladies et ravageurs connus de plusieurs plantes cultivées, mais elles invitent également le plus grand nombre à participer aux actions de recherches à travers les applications proposées.



© INRAE, Yvon ROBERT

## Des bactéries permettent à des insectes de résister aux attaques de leurs ennemis

# 2011

Chez les insectes, des bactéries symbiotiques confèrent à leur porteur une protection efficace vis-à-vis de certains ennemis. Cet avantage est problématique lorsqu'il concerne des ravageurs des cultures : leur contrôle par les ennemis naturels est réduit. Des études ont permis de répondre à deux questions essentielles. Les ennemis peuvent-ils contourner cette protection symbiotique ? Le porteur doit-il « payer » pour cet avantage ? La réponse est oui...

### Contact :

Yannick OUTREMAN  
yannick.outreman@agrocampus-ouest.fr  
INRAE, UMR1349 IGEPP Institut de Génétique,  
Environnement et Protection des Plantes, Centre de  
recherche Bretagne-Normandie

### Mots-clés :

bactérie, contournement, parasitoïde, protection, puceron

DOI : 10.1111/j.1420-9101.2010.02207.x

DOI : 10.1098/RSBL.2011.0249

Chez les insectes, des bactéries symbiotiques peuvent conférer à leur porteur divers avantages comme une meilleure performance alimentaire, une tolérance aux stress thermiques ou une protection aux ennemis naturels, notamment aux insectes parasitoïdes. Ces derniers sont des ennemis redoutables : ils se développent sur ou dans un autre insecte, en tirent sa subsistance et le tuent à l'issue de son développement. La présence d'un symbiote bactérien conférant une protection à ces ennemis représente, à première vue, un réel bénéfice pour son porteur et génère, par extension, des fortes pressions de sélection sur les parasitoïdes. Dans les agrosystèmes, ces bactéries symbiotiques existent chez des insectes ravageurs et limitent leur contrôle par les parasitoïdes.

Les pucerons du pois peuvent héberger la bactérie *Hamiltonella defensa*, qui leur confère une forte protection au parasitoïde *Aphidius ervi*, le principal

ennemi du puceron. Cependant, les individus parasitoïdes exposés aux pucerons porteurs de la bactérie contournent la protection symbiotique en moins de 5 générations. Les résultats montrent également qu'abriter *H. defensa* réduit les comportements de défenses : les porteurs d'*H. defensa* sont moins agressifs vis-à-vis du parasitoïde. Cette variation comportementale serait liée aux conséquences pathologiques de l'infection bactérienne. La présence de la bactérie affecterait les capacités motrices du porteur et/ou sa perception de stimuli. Il y a donc des coûts associés à cette protection symbiotique.

Ces travaux démontrent le rôle fondamental des bactéries symbiotiques dans les relations entre espèces inféodées aux agrosystèmes. Cette approche révèle le fort potentiel des auxiliaires à répondre aux pressions de sélection imposées par la protection conférée par ces bactéries chez des ravageurs.



© INRAE, Christophe MAITRE

# Comparaison des performances environnementales de vergers de pommiers par Analyse de Cycle de Vie

## 2012

**L'**Analyse de Cycle de Vie est une méthode d'évaluation globale des impacts sur l'environnement utilisée pour analyser des systèmes de production, de la production des intrants à leur élimination. Cette méthode a été adaptée et utilisée pour la première fois pour comparer différents modes de production de pommes. Il en ressort que les vergers en production fruitière intégrée impactent moins l'environnement comparés aux vergers conventionnels et biologiques.

### Contact :

Aude ALAPHILIPPE  
aude.alaphilippe@inrae.fr  
INRAE, UERI 0695 Gotheron, Centre de recherche  
Provence-Alpes-Côte d'Azur

### Mots-clés :

analyse de cycle de vie, impact environnemental, performance environnementale, pomme, verger

DOI : 10.1007/s13593-012-0124-7

Les systèmes de production en Agriculture Biologique (AB) et en Production Fruitière Intégrée (PFI) se développent en France et en Europe. L'enjeu de réduction de l'utilisation des pesticides est essentiel en verger de pommiers, production fortement consommatrice d'intrants phytosanitaires. Mais qu'en est-il des performances environnementales de ces stratégies alternatives ?

Pour pouvoir évaluer les performances de ces systèmes, afin de s'assurer qu'ils permettent une réduction des polluants dans l'environnement, sans pour autant augmenter d'autres types d'impacts, le recours à l'analyse de cycle de vie (ACV) est nécessaire. Les premières ACV comparatives de 9 systèmes de production de pommes conduits en conditions équivalentes ont été réalisées dans un dispositif où 3 itinéraires de production (AB, PFI et Conventionnel) sont implantés avec 3 variétés de sensibilité différente aux maladies. L'évaluation

par ACV montre un impact moindre des systèmes en PFI plantés avec des variétés peu sensibles aux maladies.

Les différentes catégories d'impacts sont réduites de 6 à 99 % par rapport aux systèmes conventionnels. Par ailleurs, l'ACV montre que les pratiques mécaniques mises en œuvre pour remplacer des méthodes chimiques sont plus éco-performantes pour toutes les catégories d'impact. Les systèmes en agriculture biologique impactent peu l'environnement pour une même surface occupée, cependant lorsque les impacts sont ramenés au kg de fruits commercialisés, ce sont les systèmes globalement les plus impactant du fait d'une baisse significative des rendements commercialisés.

Ce travail fournit une référence en termes d'ACV et une base pour améliorer la production de la pomme en termes de performances environnementales.



© INRAE, Michel RENOUE

## Plasticité olfactive des insectes : sexe ou nourriture, il faut choisir

# 2012

**P**our leur reproduction, les mâles de papillons de nuit doivent identifier la phéromone sexuelle femelle dans un environnement chargé en odeurs de plante, sources de nourriture. Les recherches ont montré des interactions différentielles entre les odeurs de plante et les phéromones tout au long du tractus olfactif en fonction de l'état sexuel. Avant l'accouplement les odeurs de plante synergisent la réponse à la phéromone. Après l'accouplement, la phéromone inhibe la réponse aux odeurs de plante.

### Contact :

Sylvia ANTON  
sylvia.anton@inrae.fr  
INRAE, UMR1349 IGEPP Institut de Génétique  
Environnement et Protection des Plantes, Centre de  
recherche Bretagne-Normandie

### Mots-clés :

accouplement, olfaction, papillon, phéromone,  
plasticité

DOI : 10.1371/journal.pone.0033159.s001

Chez les papillons de nuit dont beaucoup d'espèces sont des ravageurs à l'état larvaire, les mâles sont attirés par la phéromone sexuelle émise par les femelles, mais aussi par les odeurs de plante qui indiquent des sources de nourriture ou de plantes hôtes. Dans la nature ces phéromones sont noyées dans un mélange odorant provenant des plantes environnantes.

L'objectif des chercheurs est de comprendre comment l'insecte extrait l'information sensorielle sexuelle, cruciale pour sa reproduction, en étudiant l'effet des interactions phéromone-odeurs de plante sur le système olfactif. Ils ont ainsi montré qu'il existe un changement de comportement vis-à-vis de ces odeurs. Avant l'accouplement, le mâle est très sensible à la phéromone et l'addition d'odeurs de plante synergise sa réponse phéromonale, favorisant ainsi la détection de la femelle sur la

plante. Après l'accouplement, le mâle n'est plus attiré par la phéromone jusqu'à la nuit suivante. Il peut encore détecter les odeurs de plante pour se nourrir, mais il ne sera plus attiré si on y ajoute la phéromone : le mâle accouplé est littéralement inhibé par la phéromone. On parle d'abstinence sexuelle olfactive.

Cette inhibition olfactive post-copulatoire provient du traitement différentiel des odeurs dans les voies olfactives, allant de la détection par les sensilles de l'antenne jusqu'au traitement de l'information sensorielle dans le centre primaire cérébral, le lobe antennaire, équivalent du bulbe olfactif des vertébrés. Chez les mâles, il y a un traitement différentiel périphérique et central des phéromones, des odeurs de plante et de leur mélange en fonction de l'état sexuel. Cette plasticité olfactive permet à l'insecte de s'adapter à l'environnement pour optimiser sa reproduction.



© INRAE, Marie-Christine LHOPITAL

## Détermination du sexe : une base génétique commune aux abeilles, bourdons et fourmis

# 2012

Les bases moléculaires de la détermination du sexe chez les hyménoptères sont complexes, variées et mal connues. L'un des types de détermination du sexe (sl-csd) est basé sur un gène comportant plusieurs formes (allèles), qui a été identifié et appelé csd. Ce gène a été considéré comme unique à la lignée des *Apidae* (abeilles). Cependant, les chercheurs ont montré que csd n'est pas restreint aux *Apidae* mais est aussi présent chez les bourdons et les fourmis.

### Contact :

Marylène POIRIE  
marylene.poirie@inrae.fr  
INRAE, UMR1355 ISA Institut Sophia Agrobiotech  
Centre de recherche Centre de recherche Provence-Alpes-Côte d'Azur

### Mots-clés :

abeille, bourdon, csd, détermination du sexe, fourmi

DOI : 10.1038/ncomms1898

Le système de détermination du sexe est très variable chez les insectes et mal connu chez les hyménoptères. Ainsi un des mécanismes principaux identifié, sl-csd, est prédit comme pouvant entraîner les petites populations dans un vortex d'extinction. En effet, un individu se développe en femelle uniquement s'il est hétérozygote pour le gène déterminant le sexe (csd), les individus diploïdes homozygotes se développant en mâles souvent infertiles ou peu fertiles. La baisse de fertilité entraîne une réduction de la taille de la population ce qui diminue sa diversité génétique et peut entraîner sa disparition. Chez l'abeille, ces mâles ne survivent pas, les ouvrières se chargeant de les éliminer dès l'éclosion des larves.

Les chercheurs ont démontré que csd est présent également chez les bourdons et fourmis et qu'il provient d'une duplication ancestrale du gène fem (gène clé de la détermination

du sexe) chez l'ancêtre commun au sous-ordre des *Aculeata*. Les gènes fem et csd représentent un des rares exemples d'évolution concertée (partie de séquences des gènes devenant identiques) par conversion génique. Ces résultats soulèvent la question de l'existence et du rôle du gène csd chez d'autres hyménoptères et notamment le groupe des guêpes parasitoïdes, largement utilisées comme auxiliaires en lutte biologique.

La caractérisation moléculaire du gène csd dans d'autres espèces pourra à l'avenir être mise à profit pour améliorer la gestion des populations d'auxiliaires de lutte biologique et de pollinisateurs (abeilles, bourdons). Par ailleurs, une stratégie de « préservation » des populations de ces espèces, pourrait passer par la conservation active de la diversité des allèles au locus csd.

# Rôle de la membrane plasmique dans les mécanismes de défense des plantes

2013

**L**e développement d'une méthode d'imagerie innovante a permis de montrer que la membrane qui entoure les cellules végétales est composée d'une multitude de petits territoires présentant des états physiques variés. L'organisation globale et locale de cette membrane est modifiée de façon très rapide lorsque la cellule détecte des microorganismes, établissant un lien fonctionnel entre cette organisation et la mise en place de mécanismes de défense.

## Contact :

Patricia GERBEAU-PISSOT  
patricia.gerbeau-pissot@inrae.fr  
INRAE, UMR1347 Agroécologie, Centre de recherche  
Dijon-Bourgogne-Franche-Comté

## Mots-clés :

cellule végétale, défense des plantes, éliciteur,  
membrane plasmique, signalisation

DOI : 10.1104/pp.113.225755

Les plantes sont confrontées en permanence à des attaques de champignons, bactéries ou autres parasites, et développent des réponses adaptatives qui conditionnent leur survie. Certaines molécules produites par des microorganismes, appelées éliciteurs, sont reconnues par la plante qui mobilise alors ses systèmes de défense inductibles et organise sa résistance.

La membrane des cellules végétales est une mosaïque hétérogène de territoires de très petite taille. Certains d'entre eux, enrichis en constituants protéiques et lipidiques particuliers, apparaissent comme plus rigides et ordonnés car ils sont le siège d'interactions fortes entre les différentes molécules, notamment les lipides, qui les constituent. Dans les minutes qui suivent le traitement par un éliciteur de réactions de défense, la cryptogéine, une petite protéine sécrétée par un oomycète, la membrane des cellules de tabac subit deux

modifications : elle voit sa fluidité latérale et la proportion des petits domaines ordonnés augmenter. Le traitement par un éliciteur bactérien, la flagelline, provoque uniquement ce second mécanisme. La cryptogéine est, contrairement à la flagelline, un éliciteur nécrosant, provoquant une mort cellulaire locale visant à contenir la progression du microorganisme. Ainsi, l'augmentation de la proportion de domaines ordonnés pourrait être un phénomène générique associé au déclenchement de la signalisation de défense, quand l'augmentation de fluidité latérale serait un effet spécifique à la cryptogéine.

Ces travaux ont révélé la première description de l'organisation de la membrane végétale, et son implication dans les réponses de défense. Ils ont ouvert la voie à la caractérisation de la dynamique et de certains nouveaux acteurs de cette cascade cellulaire.



© INRAE, Sonia DOURLOT

## Des odeurs pour protéger les cultures contre les insectes ravageurs

# 2013

**L**e potentiel des composés chimiques volatils issus de plantes dans le développement de nouvelles méthodes de contrôle d'insectes ravageurs des cultures a été mis en évidence. Diffusés dans des cultures sur le terrain, certains de ces composés peuvent fortement diminuer l'infestation des plantes par les ravageurs mais également stimuler l'action de leurs ennemis naturels.

### Contact :

Anne-Marie CORTESERO  
anne-marie.cortesero@univ-rennes1.fr  
INRAE, UMR1349 IGEPP Institut de Génétique,  
Environnement et Protection des Plantes, Centre de  
recherche Bretagne-Normandie

### Mots-clés :

agroécologie, culture légumière, écologie chimique,  
interaction plante-insecte, mouche du chou

DOI : 10.1111/j.1570-7458.2012.01257.x

Les recherches sur l'écologie chimique des interactions plantes-ravageurs-ennemis naturels mettent en évidence le rôle essentiel des composés chimiques volatils (notamment ceux issus des plantes) dans les prises de décision des insectes phytophages mais également dans celles de leurs ennemis naturels.

Les travaux portant sur la mouche du chou ont permis de démontrer le potentiel des composés chimiques volatils issus des plantes dans le développement de nouvelles méthodes de lutte contre cet insecte. Différents composés de synthèse ont été placés, dans des diffuseurs au centre de parcelles cultivées de brocoli. Certains composés qui modifient le comportement de ponte du ravageur et d'autre part des composés qui stimulent l'action de ses ennemis naturels ont été identifiés. Parmi les composés particulièrement actifs, le disulfure de diméthyl (un composé naturellement émis par des brassicacées

fortement infestées par la mouche) permet de diminuer l'infestation de près de 60 %. Le salicylate de méthyle (naturellement émis par différentes plantes attaquées par des insectes) augmente quant à lui la prédation des œufs du ravageur.

Ces travaux permettent d'envisager la mise en place d'une stratégie de push-pull assistée où ces composés de synthèse pourraient être combinés pour repousser (push) les ravageurs des parcelles cultivées afin de les concentrer (pull) dans des zones bordant ces parcelles où ils pourraient être contrôlés par leurs ennemis naturels.

Les recherches ont été poursuivies dans ce sens et ont permis d'identifier une plante de service attirant les ravageurs (pull) ainsi que des médiateurs chimiques agissant au contact qui complètent le dispositif push-pull actuellement testé en situation de production.



© INRAE, Lætitia PERFUS-BARBEOCH

## Lutter plus proprement contre les nématodes ravageurs de cultures en ciblant des gènes spécifiques à ces espèces

# 2013

**D**es gènes spécifiques aux ravageurs de cultures ont été identifiés dans les génomes de nématodes parasites de plantes. Ces gènes sont absents des autres espèces de nématodes infectant l'homme et les animaux d'élevage. L'inactivation spécifique de ces gènes chez ces vers compromet sérieusement leur pouvoir parasitaire. Des méthodes de luttres plus spécifiques et propres peuvent être envisagées en ciblant précisément ces gènes.

Les nématicides chimiques utilisés en agriculture contre les nématodes, des vers ravageurs répandus mondialement dans tous les types de cultures, contiennent des matières toxiques. En raison de leur absence de spécificité d'action, ces molécules constituent une menace pour l'environnement et la santé. Leur usage a donc été largement banni et des méthodes alternatives plus propres sont recherchées.

Une démarche de génomique comparative a permis d'identifier une quinzaine de gènes présents dans le génome du ver parasite *Meloidogyne incognita*, partagés par différents nématodes ravageurs de cultures. En dehors de ces espèces là, ils ne sont trouvés nulle part ailleurs. L'inactivation systématique de chacun de ces gènes a montré, pour 12 d'entre eux, une forte diminution des symptômes de l'infestation par les nématodes de tomates en laboratoire. Ces 12 gènes, inconnus jusqu'alors, constituent

des cibles intéressantes pour contrer spécifiquement le développement des nématodes phytoparasites, sans effet sur les autres espèces. De telles cibles pourraient permettre le développement de nouveaux nématicides plus respectueux de l'environnement, basés par exemple sur de petits ARN interférents (siRNA) les inactivant spécifiquement.

Depuis ces recherches, les progrès en génomique ont permis la caractérisation de huit fois plus de génomes de nématodes phytoparasites ainsi que de nombreuses autres espèces, permettant aux chercheurs de renouveler le même type d'approche à un niveau de précision inédit. Toute une série de nouveaux gènes partagés par de nombreux ravageurs de culture, et dont l'absence chez l'ensemble des autres espèces est confirmée de manière plus certaine, a ainsi été mise en évidence.

### Contact :

Etienne DANCHIN  
etienne.danchin@inrae.fr  
INRAE, UMR1355 ISA Institut Sophia Agrobiotech,  
Centre de recherche Provence-Alpes-Côte d'Azur

### Mots-clés :

biodiversité, environnement, génomique, ravageur, ver  
DOI : 10.1371/journal.ppat.1003745



© INRAE, Didier ROCHAT

## Les insectes recyclent leurs bactéries symbiotiques quand leur bénéfice devient caduc

# 2014

**L**es insectes savent non seulement « cultiver » les bactéries symbiotiques en ajustant leur nombre à leurs besoins physiologiques, mais aussi les recycler quand leur bénéfice devient caduc. Cette régulation repose sur une signalisation entre voies métaboliques et immunitaires, et permet aux insectes d'augmenter leurs performances biologiques tout en optimisant le rapport coût/bénéfice de la symbiose.

### Contact :

Abdelaziz HEDDI  
abdelaziz.heddi@inrae.fr  
INRAE, UMR0203 BF2I Biologie Fonctionnelle, Insectes et Interactions, Centre de recherche Auvergne-Rhône-Alpes

### Mots-clés :

bactérie, charançon, cuticule, régulation, symbiose

DOI : 10.1016/j.cub.2014.07.065

Tous les organismes vivants dépendent de la présence d'un cortège bactérien très varié. Les bactéries apportent des métabolites essentiels à leur hôte et interviennent dans ses processus physiologiques, développementaux, et immunitaires. Plusieurs insectes ravageurs de cultures ont ainsi développé une symbiose bactérienne intégrée et durable.

Bien que ces bactéries soient bénéfiques, leur maintien engendre des coûts pour l'organisme hôte. Ce dernier doit les évaluer relativement aux bénéfices tirés, et ajuster en conséquence le nombre de bactéries. Cette régulation prend en compte les besoins nutritionnels de l'organisme et ses exigences physiologiques, et les transcrit sous forme de messages aux systèmes cellulaires et immunitaires qui exécutent le programme d'ajustement bactérien.

Le charançon, important ravageur de cultures, doit trouver en grande

quantité la matière première nécessaire à la fabrication de sa cuticule, après sa métamorphose en adulte. Cette construction est possible grâce aux bactéries symbiotiques qu'il domestique en son sein et qui ont la faculté de synthétiser ce composé. Dès la mue adulte, le charançon va multiplier ses bactéries symbiotiques, et ce jusqu'à l'achèvement de sa cuticule. Ensuite, les bactéries deviennent inutiles et leur maintenance coûteuse. S'engage alors un processus de recyclage organique. Par le biais de l'autophagie (digestion intracellulaire) et de l'apoptose (mort cellulaire programmée), le recyclage de ces bactéries va s'effectuer proprement dans son organisme. Ces mécanismes sont activés par un état physiologique de l'insecte et médiés par des métabolites.

Cette découverte ouvre de nouvelles perspectives de lutte contre ces insectes ravageurs en ciblant la symbiose entre l'insecte et sa bactérie.



© INRAE, Claude AVISSE

# Les gènes symbiotiques voyagent accompagnés d'accélérateurs d'évolution

## 2014

**U**n mécanisme facilitant l'évolution des bactéries fixatrices d'azote symbiotiques des légumineuses a été découvert. Des gènes de mutagenèse sont transférés à des bactéries du sol en même temps que les gènes symbiotiques essentiels, induisant une accélération du processus évolutif.

### Contact :

Philippe REMIGI  
philippe.remigi@inrae.fr,  
INRAE, UMR0441 LIPME Laboratoire des Interactions Plantes Microbes Environnement, Centre de recherche Occitanie-Toulouse

### Mots-clés :

bactérie, génomique, mutagenèse, rhizobium, symbiose

DOI : 10.1371/journal.pbio.1001942

Les rhizobia sont des bactéries taxonomiquement très diverses. Elles auraient évolué à partir de l'acquisition de gènes symbiotiques essentiels, convertissant des bactéries du sol en symbiotes de légumineuses. Cependant le transfert de ces quelques gènes ne suffit généralement pas à transformer une bactérie en rhizobium. Pour induire la formation de nodules racinaires fixateurs d'azote les rhizobia utilisent en effet beaucoup plus de gènes que ceux qui ont été transférés. Cela suggère que l'acquisition des capacités symbiotiques nécessite également un remodelage du génome de la bactérie réceptrice.

En rejouant l'évolution d'un nouveau genre de rhizobium en laboratoire via le transfert de gènes symbiotiques à une bactérie du genre *Ralstonia* suivi de sa co-culture avec une légumineuse, un mécanisme accélérant l'évolution d'un symbiote de légumineuse a été

découvert : les gènes symbiotiques sont co-transférés avec des gènes codant pour des ADN polymérases, qui élèvent le taux de mutation dans le génome d'accueil avant l'entrée des bactéries dans la plante. Cette explosion de diversité génétique accélère le processus d'évolution, en permettant à la plante de sélectionner les variants bactériens les plus performants.

Le transfert de gènes entre organismes est un processus jouant un rôle prépondérant dans l'évolution et la diversification des microbes, en permettant l'accès à de nouvelles niches écologiques. Ces travaux révèlent que le co-transfert de traits phénotypiques complexes avec des déterminants de mutabilité améliore le succès du transfert horizontal. Ils ouvrent la voie à une meilleure compréhension de l'évolution des rhizobia et au développement de stratégies pour le design de nouveaux symbiotes.



© INRAE, Serge CARRE

## Une région du chromosome X du puceron du pois responsable de la perte du sexe

# 2014

La plupart des eucaryotes se reproduisent de manière sexuée. Cependant la perte du sexe est souvent observée, et les mécanismes à l'origine de ce phénomène restent encore mal connus. En combinant des approches de génétique quantitative et de génomique des populations, les chercheurs ont identifié une région sur le chromosome X responsable de cette perte chez le puceron du pois et ont montré que les lignées sexuées pouvaient être converties en lignées asexuées par un phénomène de contagion.

### Contact :

Julie JAQUIERY  
julie.jaquier@inrae.fr  
INRAE, UMR1349 IGEPP Institut de Génétique,  
Environnement et Protection des Plantes, Centre de  
recherche Bretagne-Normandie

### Mots-clés :

génomique des populations, parthénogénèse, perte  
du sexe, puceron, reproduction clonale

DOI : 10.1371/journal.pgen.1004838

Même si la reproduction sexuée est le mode de reproduction dominant chez les eucaryotes, la perte du sexe n'est pas un événement rare puisque des lignées asexuées sont observées dans la plupart des grands groupes d'êtres vivants. Les organismes asexués ont un potentiel évolutif plus réduit que ceux utilisant le sexe pour se reproduire, comme en témoigne leur position terminale sur les branches de l'arbre de la vie. Cependant, ces lignées asexuées présentent des capacités de multiplication et de colonisation de nouveaux milieux qui sont souvent bien supérieures à celles des lignées sexuées, et nombre de bioagresseurs des animaux et des végétaux sont asexués. Comprendre les mécanismes par lesquels les lignées asexuées sont formées à partir d'un ancêtre sexué représente donc un enjeu majeur pour la recherche fondamentale et finalisée.

Dans cette étude ont été décrypté les bases génomiques de la perte du

sexe chez le puceron du pois, une espèce dont les populations comportent à la fois des lignées sexuées et asexuées. Une région sur le chromosome X responsable de cette transition a été mise en évidence et il a été établi que l'asexualité est un caractère récessif. Les données populationnelles ont permis de montrer que les lignées sexuées peuvent être converties en lignées asexuées par un phénomène de contagion.

Cette étude offre une explication à la coexistence des lignées sexuées et asexuées dans les populations naturelles de ce puceron, ainsi qu'à la persistance sur le long terme de ces populations asexuées. Le séquençage des génomes complets de lignées sexuées et asexuées, combiné à une caractérisation de l'expression de leurs gènes, devrait permettre d'élucider les mécanismes à l'origine de cette variation du mode de reproduction ainsi que son histoire évolutive.



© INRAE, Bertrand NICOLAS

# L'Arabette se défend contre une bactérie redoutable en produisant un leurre

## 2015

**R***alstonia solanacearum* est l'une des phytobactéries les plus dévastatrices de la planète. Elle court-circuite les défenses des cellules végétales en empêchant le déclenchement d'un « signal d'alarme » immunitaire. Mais des cellules végétales ont développé des récepteurs immunitaires intégrant un leurre qui mime les cibles de virulence afin de détecter très efficacement l'agent pathogène et d'activer les réponses immunitaires appropriées.

### Contact :

Laurent DESLANDES  
laurent.deslandes@inrae.fr  
INRAE, UMR0441 LIPME Laboratoire des Interactions Plantes Microbes Environnement, Centre de recherche Occitanie-Toulouse

### Mots-clés :

biologie moléculaire, effecteur, immunité de la plante, phytobactérie, résistance

DOI : 10.1016/j.cell.2015.04.025

Comme pour les êtres humains, l'interception de molécules pathogènes par un système immunitaire est indispensable aux plantes : elle leur permet d'assurer leur survie, leur croissance et leur productivité. Leurs réponses de défense reposent entièrement sur une résistance génétique (immunité innée) conférée par une famille de récepteurs exprimés dans des cellules individuelles. Ces récepteurs restent inactifs jusqu'à ce qu'ils soient activés suite à la reconnaissance de molécules pathogènes spécifiques, appelées effecteurs, qui ont souvent pour objectif de bloquer les voies de défense. La rapidité avec laquelle les populations microbiennes peuvent produire de nouveaux effecteurs qui favorisent l'infection met une pression considérable sur les plantes, les obligeant sans cesse à acquérir de nouvelles capacités de détection.

La bactérie *Ralstonia solanacearum*, responsable du flétrissement

bactérien de nombreuses espèces végétales telles que la tomate ou le tabac, bloque la mise en place des défenses immunitaires en injectant de nombreux effecteurs dans les cellules hôtes, notamment la protéine PopP2.

A partir de cette découverte réalisée chez l'Arabette, *Arabidopsis thaliana*, une des proies de la bactérie *R. solanacearum*, les chercheurs ont mis en lumière un mécanisme de défense tout aussi radical que celui déployé par la bactérie. Parmi les protéines végétales manipulées par PopP2, l'une d'entre elles se révèle être un leurre directement intégré à un récepteur immunitaire. En s'attaquant à ce leurre, PopP2 déclenche l'activation du récepteur immunitaire qui orchestre alors le déploiement des défenses.



© INRAE, Sylvie MALEMBIC-MAHER

# Mobilisation collective autour de nouveaux risques de contamination de la vigne par la Flavescence dorée

## 2015

**D**e nouveaux risques de contamination par la Flavescence dorée à partir de plantes sauvages environnant les vignobles ont été mis en évidence. Des groupes d'expérimentation collective ont été constitués dans des régions viticoles afin de mesurer le rapport entre risques épidémiques et services de régulation naturelle liés à ces plantes et développer des systèmes de veille et de prévention sur des sites pilotes.

### Contact :

Sylvie MALEMBIC-MAHER  
sylvie.malembic-maher@inrae.fr  
INRAE, UMR1332 BFP Biologie du Fruit et Pathologie,  
Centre de recherche Nouvelle-Aquitaine-Bordeaux

### Mots-clés :

expérimentation collective, flavescence dorée,  
phytoplasme, plante sauvage, vigne

DOI : 10.1371/journal.ppat.1007967

La Flavescence dorée (FD) est une grave maladie de la vigne provoquée par un phytoplasme. Elle est propagée à l'échelle européenne par la cicadelle *Scaphoideus titanus* et génère un fort impact économique, environnemental et social. Pour réduire ces impacts, des efforts de veille épidémiologique ainsi qu'une rationalisation du nombre de traitements et des superficies de lutte ont été réalisés dans certaines régions. Mais ces méthodes ne prennent pas assez en compte le cycle écologique de la maladie pouvant impliquer l'environnement des vignobles.

Le projet Fladorisk a pour objectif de mesurer le rapport entre les risques épidémiques et les services de régulation naturelle liés aux plantes sauvages et de développer des systèmes de veille et de prévention en lien avec ces risques sur des sites pilotes. Des groupes de travail ont ainsi été constitués dans 4 régions viticoles différemment concernées par la FD : Bourgogne et PACA où elle

est en émergence, Bordelais où elle est installée et chronique et Alsace, exempte.

Des expérimentations collectives ont été réalisées sur les sites pilotes des 4 régions : recensement des plantes sauvages réservoirs, surveillance des vecteurs alternatifs, collectes d'échantillons, mise en place d'essais de vection et d'expérimentations pour mesurer la prédation au sein du vignoble. Au-delà des étapes de recherche participative, certains des groupes sont entrés dans un processus d'action. En Bordelais et en Bourgogne, les acteurs de la lutte ont intégré les risques de transfert depuis les plantes sauvages dans les processus d'évaluation de risques et de modulation des traitements insecticides. En prenant appui sur le travail des groupes, une analyse sociologique des dispositifs de veille et de gestion de la FD en lien avec la possibilité des réservoirs sauvages a été menée sur la Bourgogne.



© INRAE, Jean WEBER

## Route d'invasion de la mineuse de la tomate : du centre du Chili au bassin méditerranéen

# 2015

La mineuse de la tomate, *Tuta absoluta*, insecte ravageur originaire d'Amérique du Sud, a été détecté pour la première fois en Europe en 2006 en Espagne pour se disséminer ensuite dans l'ensemble du bassin méditerranéen. Ce ravageur occasionne des pertes considérables sur les tomates en creusant des mines et des galeries sur les organes aériens de la tomate. Les travaux menés en génétique des populations ont permis de situer l'origine probable de cet envahisseur dans une ville du centre du Chili.

### Contact :

Thomas GUILLEMAUD  
thomas.guillemaud@inrae.fr  
INRAE, UMR1355 ISA Institut Sophia Agrobiotech,  
Centre de recherche Provence-Alpes-Côte d'Azur

### Mots-clés :

invasion biologique, mineuse de la tomate, population introduite, route d'invasion, *Tuta absoluta*

DOI : 10.1038/srep08371

La mineuse de la tomate, *Tuta absoluta*, est une espèce de ravageurs indigène d'Amérique du Sud qui est devenue une menace majeure pour la production de tomates dans le bassin méditerranéen et pourrait devenir un problème dans la plupart des pays d'Afrique et d'Eurasie. *T. absoluta* a été observée à l'extérieur de son aire d'origine à l'est de l'Espagne en 2006 et se trouve maintenant dans toute l'Europe du Sud, en Afrique du Nord et au Moyen-Orient. La connaissance précise de la population source de *T. absoluta* est nécessaire pour élaborer des stratégies de lutte efficace contre cette espèce nuisible.

Les chercheurs ont analysé la variabilité génétique d'échantillons collectés en Amérique du Sud, Europe, Afrique et au Moyen-Orient afin de déduire précisément l'origine de *T. absoluta* envahissant le bassin méditerranéen et de tester l'hypothèse d'un seul versus plusieurs introductions en Europe. Une analyse par « approxi-

mate Bayesian computation » (ABC) a permis de sélectionner avec précision un scénario d'introduction unique à partir du Centre du Chili près de la ville de Talca.

Ces travaux montrent la puissance des analyses ABC lorsque les scénarios en jeu sont correctement définis. En particulier il a été possible d'évaluer la probabilité d'une source unique au centre du Chili contre une source dans une des zones non échantillonnées de l'aire native avec succès. Ceci démontre avec des données réelles qu'il n'est pas toujours nécessaire d'échantillonner de façon (presqu') exhaustive une aire native pour déterminer précisément une source de populations envahissantes. Maintenant que l'origine de ce ravageur envahissant est connue avec précision, il peut être utile d'échantillonner des parasitoïdes ou pathogènes dans cette région pour éventuellement les importer en guise d'agents de lutte biologique.



© INRAE, Bertrand NICOLAS

## La diversité des plantes accroît la durabilité de leur résistance

# 2016

**L**es systèmes immunitaires très différents de deux variétés de riz co-cultivés dans le sud-ouest de la Chine depuis des siècles réussissent à déjouer durablement les agents pathogènes. Ces travaux soulignent l'importance de la diversité fonctionnelle des cultures pour restreindre les épidémies à l'échelle du paysage.

### Contact :

Jean-Benoît MOREL  
jean-benoit.morel@inrae.fr  
INRAE, UMR0385 PHIM Plant Health Institute of Montpellier, Centre de recherche Occitanie-Montpellier

### Mots-clés :

durabilité, immunité, pyriculariose, résistance, rizière  
DOI : 10.7554/eLife.19377

Les agents pathogènes des plantes constituent une menace pour la sécurité alimentaire mondiale. Pour faire face aux attaques, les plantes mettent en place plusieurs stratégies mais les agents pathogènes sont capables d'adapter leurs armes et de rendre rapidement inefficaces les gènes de résistance : c'est la course à l'armement.

Dans le sud-ouest de la Chine, les rizières de Yuanyang inscrites au patrimoine mondial de l'Unesco s'étendent sur plus de 10 000 hectares. Dans cette région où les agriculteurs n'utilisent pas de fongicide, le riz est étonnamment préservé des épidémies. Si la présence de *Magnaporthe oryzae* est avérée, ces rizières ne sont que très peu affectées par le champignon.

Les scientifiques ont démontré que les variétés Japonica présentent une forte immunité basale et peu de gènes de résistance tandis qu'à l'inverse, les variétés Indica possèdent une faible

immunité basale et beaucoup de gènes de résistance. Ces deux types de variétés de riz ayant des systèmes immunitaires très différents ont conduit à l'existence de deux populations spécialisées de champignons capables d'infecter des variétés spécifiques de riz. Ces deux armées d'agents pathogènes ultraspecialisées sont donc incapables de combattre sur tous les fronts et le champignon ne peut alors pas se disperser dans le paysage. Le développement dans le paysage de la maladie causée par le champignon pathogène *M. oryzae* est empêché par le déploiement de systèmes immunitaires variés.

Ces résultats issus du projet « Riz éternel » montrent que le déploiement de systèmes immunitaires diversifiés permet de développer des agro-systèmes présentant une protection des plantes durable. Désormais, les chercheurs vont mener des expérimentations similaires sur les cultures de blé.



© INRAE, Gilles CATTIAU

# Evaluer le coût de la virulence bactérienne lors de l'infection des plantes

## 2016

La reconstruction d'un réseau intégrant les fonctions métaboliques et de virulence d'un pathogène bactérien majeur a été réalisée, aboutissant à un réseau de plus de 2300 réactions. En couplant modélisation et validation expérimentale il a permis de quantifier le coût associé à la virulence bactérienne, de démontrer l'impact de ce coût dans des conditions d'infection, et de mettre en évidence le mécanisme de régulation orchestrant le déploiement de ces fonctions de virulence.

### Contact :

Stéphane GENIN  
stephane.genin@inrae.fr  
INRAE, UMR0441 LIPME Laboratoire des Interactions Plantes Microbes Environnement, Centre de recherche Occitanie-Toulouse

### Mots-clés :

biologie des systèmes, facteur de virulence, interaction plante-microbe, modélisation, pouvoir pathogène

DOI : 10.1371/journal.ppat.1005939

Au-delà de la nécessité d'extraire des ressources nutritionnelles au cours de l'infection des plantes, les agents phytopathogènes font face à un dilemme d'allocation de ressources : ils doivent utiliser ces ressources pour croître et pour produire des fonctions de virulence essentielles à l'infection. Ce coût nécessaire associé au déploiement des fonctions de virulence, n'a jamais été véritablement quantifié. La compréhension de ces mécanismes d'allocation de ressources est primordiale afin d'élucider les stratégies mises en œuvre chez le pathogène pour établir une infection des plantes.

La répartition des ressources nutritionnelles est orchestrée dans un contexte d'infection lorsque les facteurs de virulence bactériens sont produits en abondance. Une reconstruction fine des réseaux métaboliques et des fonctions de virulence de la bactérie du sol, pathogène des végétaux, *Ralstonia solanacearum* a été réalisée. L'existence d'un compromis entre

l'expression des voies métaboliques nécessaires pour soutenir la croissance bactérienne et celles requises pour la production des facteurs de virulence a été révélé. Ce contrôle est réalisé par la protéine régulatrice PhcA, qui est activée lorsque les bactéries atteignent une haute densité de population. Des analyses de flux métaboliques ont prouvé que le coût de production des facteurs de virulence impacte fortement la croissance bactérienne et a des conséquences majeures en termes de restriction métabolique dans certaines conditions environnementales.

La compréhension des relations trophiques entre hôte et pathogène est une étape importante pour formaliser une vision globale de l'interaction entre ces organismes. Elle ouvre notamment la possibilité d'utiliser des outils de modélisation pour étudier la dynamique métabolique du pathogène au cours de l'infection et de prédire ses choix nutritionnels.



© INRAE, Jean WEBER

# Vers une meilleure estimation du risque d'invasion d'arthropodes de quarantaine en Europe

## 2016

**U**ne gestion efficace des ravageurs envahissants consiste à anticiper l'introduction d'espèces présentant un risque phytosanitaire important. Les chercheurs proposent une approche intégrative impliquant phylogénie, phylogéographie, modélisation des aires de distribution et analyse de traits d'histoire de vie sur un ensemble d'espèces d'arthropodes de quarantaine bien documenté, afin de mieux caractériser le risque d'invasion en Europe.

### Contact :

Jean-Yves RASPLUS  
jean-yves.rasplus@inrae.fr  
INRAE, UMR1062 CBGP Centre de Biologie et de Gestion des Populations, Centre de recherche Occitanie-Montpellier

### Mots-clés :

arthropode, climat, évolution, invasion, trait d'histoire de vie

DOI : 10.1016/j.jymp.2019.106528

DOI : 10.1111/ecog.01474

Les invasions biologiques sont aujourd'hui considérées comme la deuxième cause d'extinction d'espèces et d'appauvrissement de la diversité biologique après la destruction des habitats naturels. Parmi les organismes envahissants, les arthropodes ravageurs occasionnent d'énormes pertes financières et menacent la santé des forêts, l'agriculture et la santé animale ou humaine. La lutte contre les espèces envahissantes doit donc privilégier le développement d'outils permettant l'analyse des risques (estimation) et l'identification efficace des espèces (détection).

Les modèles corrélatifs d'aire de distribution d'espèces sont des outils largement utilisés pour prédire les aires de répartition potentielle de bioagresseurs envahissants. Ces modèles combinent des données d'occurrence et des données environnementales pour décrire la niche écologique des espèces. Un grand

nombre de bioagresseurs d'importance agronomique ont été étudiés par les chercheurs, dont la majorité appartient à la liste des espèces de quarantaine pour l'Europe. Dans un premier temps, il a été testé si les niches climatiques des lignées phylogéographiques de ces bioagresseurs diffèrent puis les chercheurs ont étudié dans quelle mesure la diversité génétique a joué un rôle dans leur succès d'invasion. L'histoire évolutive du genre *Dendroctonus* a été reconstruite avec des marqueurs de type «RAD» (Restriction-Site Associated DNA markers) et cette information évolutive a été intégrée dans les estimations de risques d'invasion.

Les résultats aboutissent à des prédictions d'aire de distribution potentielle qui seront utiles à la gestion des arthropodes envahissants et qui permettent de mieux comprendre les mécanismes responsables de la structure géographique de la diversité génétique des espèces.



© INRAE, Michel RENOUE

## Le flair d'un papillon ravageur passé au crible

# 2017

**C**hez l'insecte, la perception de l'environnement grâce aux odeurs dépend d'un répertoire de récepteurs olfactifs. Des chercheurs ont analysé ce répertoire de récepteurs chez un papillon dont la chenille est un redoutable ravageur des cultures. Bon nombre de ces récepteurs sont très performants pour détecter les molécules volatiles émises par les plantes. L'évolution récente de certains d'entre eux souligne l'adaptation de ces insectes à leur environnement.

### Contact :

Emmanuelle JACQUIN-JOLY  
emmanuelle.joly@inrae.fr  
INRAE, UMR1392 IEES-Paris Institut d'Ecologie et des Sciences de l'Environnement de Paris, Centre de recherche Versailles-Grignon

### Mots-clés :

insecte, papillon, ravageur, récepteur olfactif, *Spodoptera littoralis*

DOI : 10.1038/NCOMMS15709

La communication chimique est vitale chez l'insecte pour survivre et se reproduire. La perception de son environnement odorant met en jeu des récepteurs olfactifs, c'est-à-dire des protéines membranaires qui transforment les signaux odorants en signaux électriques dans les neurones des antennes de l'insecte.

Plus ou moins spécialisés, ces récepteurs sont sensibles à diverses odeurs : des odeurs vertes rappelant la pelouse tondue, des odeurs florales ou encore des phéromones sexuelles. Chez le papillon *Spodoptera littoralis*, ces récepteurs sont particulièrement performants vis-à-vis des terpènes, des composés émis par les feuilles, susceptibles d'intéresser les chenilles herbivores, et par les fleurs, à même d'attirer les adultes se nourrissant de nectar. L'analyse de l'histoire évolutive des récepteurs de *S. littoralis* et d'autres espèces de papillons révèle l'existence de 19 grandes familles de récepteurs chez les papillons.

Les scientifiques ont mis en évidence une relation manifeste entre l'appartenance à une de ces familles et le type de composés odorants reconnus par un récepteur. Ainsi les récepteurs des familles les plus anciennes (qui sont aussi les plus conservés au cours de l'évolution) sont sensibles à des composés cycliques très répandus dans le monde vivant, tel l'eugénol ou l'indole, tandis que les familles de récepteurs apparues plus récemment chez les papillons (et qui évoluent plus rapidement) sont spécifiques de phéromones ou de molécules, comme les terpènes ou les acétates à chaînes courtes, émises par les plantes.

Ce travail apporte les bases pour comprendre comment un insecte ravageur herbivore utilise son répertoire de récepteurs pour sélectionner, parmi tant d'autres, une plante hôte. Par l'identification de récepteurs clés, il ouvre la voie à de nouveaux moyens de lutte contre les insectes ravageurs de cultures en lien avec l'olfaction.



© INRAE, Sylvie DALLOT

## Un modèle stratégique pour optimiser la gestion d'une épidémie

# 2017

**U**n modèle paramétré à partir d'enquêtes épidémiologiques et d'une expertise économique a été utilisé pour simuler le développement d'une épidémie de sharka dans un paysage agricole ainsi que différentes options d'épidémiosurveillance et de lutte. Des analyses de sensibilité du modèle ont permis d'identifier les paramètres les plus influents sur le développement de l'épidémie ainsi que les combinaisons de paramètres de gestion présentant un ratio bénéfique/coût favorable.

### Contact :

Gaël THEBAUD  
gael.thebaud@inrae.fr  
INRAE, UMR0385 PHIM Plant Health Institute of Montpellier, Centre de recherche Occitanie-Montpellier

### Mots-clés :

épidémiologie, modélisation, PPV, puceron, sharka

DOI : 10.1371/journal.pcbi.1006085

DOI : 10.1094/PHYTO-05-18-0165-R

La sharka est la plus grave maladie des Prunus ; elle touche principalement les abricotiers, pêchers et pruniers. Pour lutter contre cette maladie incurable, les pouvoirs publics français ont défini une stratégie de gestion de la maladie reposant sur la prospection visuelle des vergers afin d'y détecter les arbres symptomatiques dont l'arrachage est obligatoire. Cette stratégie est coûteuse mais elle permet de contenir la maladie pour limiter son impact sur la production de fruits.

Une synthèse bibliographique a analysé les principaux processus impliqués dans les épidémies de sharka et dressé un panorama des différentes options adoptées dans le monde pour gérer cette maladie. Une des interrogations concernant la sharka (et les autres 40% de viroses transmises par pucerons) a longtemps été de savoir à quelle distance volent ces insectes vecteurs. Les chercheurs ont construit un modèle qui a permis

d'estimer les paramètres d'une épidémie de sharka, indiquant que 50 % des pucerons volent à moins de 90m de leur arbre d'origine et 90 % à moins de 1 km. Ils ont ensuite utilisé une analyse de sensibilité pour hiérarchiser l'influence des paramètres du modèle, mettant ainsi en évidence l'influence prépondérante de la connectivité de première parcelle infectée sur la dynamique des épidémies de sharka. Des analyses de sensibilité séquentielles ont également permis d'identifier des stratégies économiquement optimisées pour gérer l'épidémie. L'étude des interactions entre ces stratégies et la structure du paysage a mis en évidence une stratégie de gestion économiquement performante pour différents niveaux d'agrégation des parcelles.

Les recherches ultérieures visent à préciser les leviers économiques (incitations, sanctions) permettant d'aligner les intérêts individuels et collectifs dans la gestion de la sharka.



© INRAE, Jean WEBER

## Les pyrales se réfugient au collet des cannes de maïs pour éviter les moissonneuses-batteuses

# 2017

**U**n peu avant la moisson, les chenilles des pyrales *Ostrinia nubilalis* et *Ostrinia furnacalis* descendent vers le collet des cannes de maïs, passant ainsi sous la ligne de fauchage des moissonneuses-batteuses lors de la récolte et évitant par là une mort quasi-certaine. Ce comportement de géotaxie positive correspond certainement à une adaptation comportementale à la récolte du maïs, qui serait apparue de façon répétée chez ces deux espèces de foreuses du maïs.

### Contact :

Vincent CALCAGNO  
vincent.calcagno@inrae.fr  
INRAE, UMR1355 ISA Institut Sophia Agrobiotech,  
Centre de recherche Provence-Alpes-Côte d'Azur

### Mots-clés :

adaptation comportementale, évolution parallèle, géotaxie, pyrale, ravageur

DOI : 10.1111/eva.12481

La pyrale du maïs *Ostrinia nubilalis* est un ravageur cosmopolite des cultures de maïs responsable d'importantes pertes économiques. Elle est probablement issue d'un changement d'hôte depuis les plantes dicotylédones non cultivées qu'attaque l'espèce jumelle, *O. scapularis*. Les chercheurs ont mis en évidence une adaptation comportementale originale : un peu avant la moisson, les chenilles de ce ravageur migrent vers le collet des cannes de maïs afin de s'y transformer en chrysalides.

Les chercheurs ont démontré qu'il s'agit d'une évolution comportementale en réponse aux techniques de récolte, en tirant profit de l'existence de la pyrale du maïs Asiatique *O. furnacalis*. Cette espèce serait elle aussi issue d'un changement d'hôte depuis *O. scapularis*, mais son origine évolutive serait indépendante d'*O. nubilalis*. Le comportement des chenilles d'*O. scapularis* et d'*O. furnacalis* échantillonnées en Asie

a été comparé afin de déterminer si les chenilles de cette dernière espèce présente, comme celle d'*O. nubilalis*, un comportement de géotaxie positive avant la moisson du maïs. Les chercheurs ont ainsi échantillonné huit populations d'*O. furnacalis*, *O. scapularis* et *O. nubilalis* génétiquement différenciées en France et en Chine et déterminé leur géotaxie tout au long du développement larvaire dans des colonnes artificielles imitant des tiges de maïs. Les larves de toutes les populations d'*O. furnacalis* et *O. nubilalis* présentent une tendance similaire à se diriger vers le sol au cours des derniers stades larvaires, un comportement qui n'est pas observé chez les populations d'*O. scapularis*, européennes ou asiatiques. L'introduction du maïs a déclenché des adaptations comportementales parallèles en Europe et en Asie, la sélection engendrée par la destruction des parties supérieures des tiges de maïs lors des récoltes en est sans doute le principal moteur.



© INRAE, Sylvie RICHART-CERVERA

## L'agriculture biologique favorise la régulation des bioagresseurs

# 2018

**L'**agriculture biologique, sans pesticides de synthèse est considérée comme étant plutôt bénéfique pour la biodiversité. Mais ces effets sur les services rendus par la biodiversité sont assez mal connus. Des chercheurs ont exploré ces effets à la faveur d'une analyse de la littérature scientifique à l'échelle mondiale, démontrant l'impact des pratiques de l'agriculture biologique sur la stimulation de la régulation naturelle et le contrôle des bioagresseurs.

### Contact :

Adrien RUSCH  
adrien.rusch@inrae.fr  
INRAE, UMR1065 SAVE Santé et Agroécologie du Vignoble, Centre de recherche Nouvelle-Aquitaine-Bordeaux

### Mots-clés :

agriculture biologique, agriculture conventionnelle, biodiversité, bioagresseur, régulation naturelle

DOI : 10.1038/s41893-018-0102-4

Un consortium international de chercheurs a montré que la régulation naturelle des bioagresseurs est plus importante dans des systèmes de culture conduits en agriculture biologique qu'en agriculture conventionnelle et ce pour tous les types de bioagresseurs (pathogènes, insectes ravageurs ou adventices). Un constat qui suggère que les pratiques de l'agriculture biologique stimulent les processus naturels responsables de la régulation des bioagresseurs.

Les scientifiques ont également observé qu'entre les systèmes de culture conduits en agriculture biologique et ceux conduits en agriculture conventionnelle, les niveaux d'infestation des bioagresseurs dépendent fortement du type de bioagresseurs. Ainsi, les systèmes de culture conduits en agriculture biologique subissent des niveaux d'infestation par des agents pathogènes (par exemple, champignons ou bactéries) plus faibles que ceux conduits en agriculture

conventionnelle. En revanche, les deux systèmes d'agriculture endurent les mêmes niveaux d'infestation de ravageurs (insectes, nématodes, acariens et autres). Enfin, les systèmes de culture biologique montrent des niveaux d'infestation par les adventices plus élevés ; leur présence contribuant vraisemblablement à la diversité des espèces antagonistes des bioagresseurs responsables des niveaux de régulation mis en évidence et à un environnement potentiellement moins propice aux maladies et aux ravageurs.

Ces résultats démontrent l'intérêt des pratiques culturales de l'agriculture biologique en matière de régulation des bioagresseurs et de maîtrise des pathogènes et des animaux nuisibles. Ils suggèrent des perspectives pour identifier les pratiques vertueuses afin de favoriser la régulation des bioagresseurs et de réduire l'utilisation de produits phytosanitaires, et ce indépendamment des certifications.



© INRAE, Nicolas MORISON

# Compétition alimentaire entre abeilles sauvages et abeilles de l'apiculture dans les zones protégées

## 2018

**A**vec la simplification des paysages agricoles, les apiculteurs professionnels ont désormais recours à des transhumances saisonnières de leurs abeilles vers des environnements préservés tels que les espaces naturels protégés. Les gestionnaires de ces espaces expriment aujourd'hui des inquiétudes quant aux risques d'interférences écologiques avec les pollinisateurs sauvages.

### Contact :

Mickaël HENRY  
mickael.henry@inrae.fr  
INRAE, UMR0406 AE Abeilles et Environnement,  
Centre de recherche Provence-Alpes-Côte d'Azur

### Mots-clés :

abeille domestique, abeille sauvage, apiculture, biodiversité, ressource alimentaire

DOI : 10.1038/s41598-018-27591-y

La crise actuelle de l'apiculture incite les apiculteurs à installer leurs colonies dans les zones naturelles protégées, à demeure ou une partie de l'année. L'hypothèse d'une concurrence alimentaire a été testée entre les insectes butineurs, puisque ces derniers doivent partager la même nourriture (nectar et pollen) sur les mêmes fleurs aux mêmes endroits.

Les ruchers de l'apiculture installés dans une zone naturelle créent une concurrence alimentaire au détriment des espèces d'abeilles sauvages, mais également entre les abeilles domestiques des ruchers elles-mêmes. L'abondance des abeilles sauvages diminue lorsqu'on s'approche d'un rucher. C'est un symptôme de la compétition interspécifique. Le succès d'approvisionnement en nectar des abeilles sauvages diminue à proximité des ruchers, ce qui confirme l'hypothèse d'une compétition dans l'exploitation d'une ressource alimentaire.

Les grandes abeilles sauvages évitent davantage la proximité d'un rucher que les plus petites. Les abeilles dont les tailles sont comparables ou supérieures à celle des abeilles domestiques sont aussi les abeilles les plus à même de se disperser. Elles sont donc capables de s'adapter rapidement aux contraintes de disponibilité des ressources produites par une compétition. Elles ont également des besoins alimentaires plus conséquents, et sont donc potentiellement davantage affectées par la compétition pour les ressources florales.

Parallèlement à la compétition interspécifique, des variations de taux d'approvisionnement sont constatées chez les abeilles domestiques elles-mêmes. Les taux de remplissage de la corbeille de récolte (pollen) et du jabot (nectar) des butineuses diminuent significativement avec la proximité des ruchers.



© INRAE, Christelle LACROIX

# Des modèles mathématiques pour gérer durablement les gènes de résistance aux maladies des plantes

## 2018

**A**ccroître la diversité des plantes cultivées, et en particulier des gènes de résistance aux maladies, est une approche agroécologique pour réduire l'usage des pesticides. Mais comment utiliser au mieux cette stratégie de lutte contre les maladies des plantes ? Pour répondre à cette question et gérer durablement les résistances, l'utilisation de modèles mathématiques est une aide précieuse face aux agents pathogènes.

### Contact :

Loup RIMBAUD  
loup.rimbaud@inrae.fr  
INRAE, UMR0407 PV Pathologie Végétale, Centre de recherche Provence-Alpes-Côte d'Azur

### Mots-clés :

épidémiologie, évolution, gestion durable des résistances, modélisation mathématique, pathologie végétale

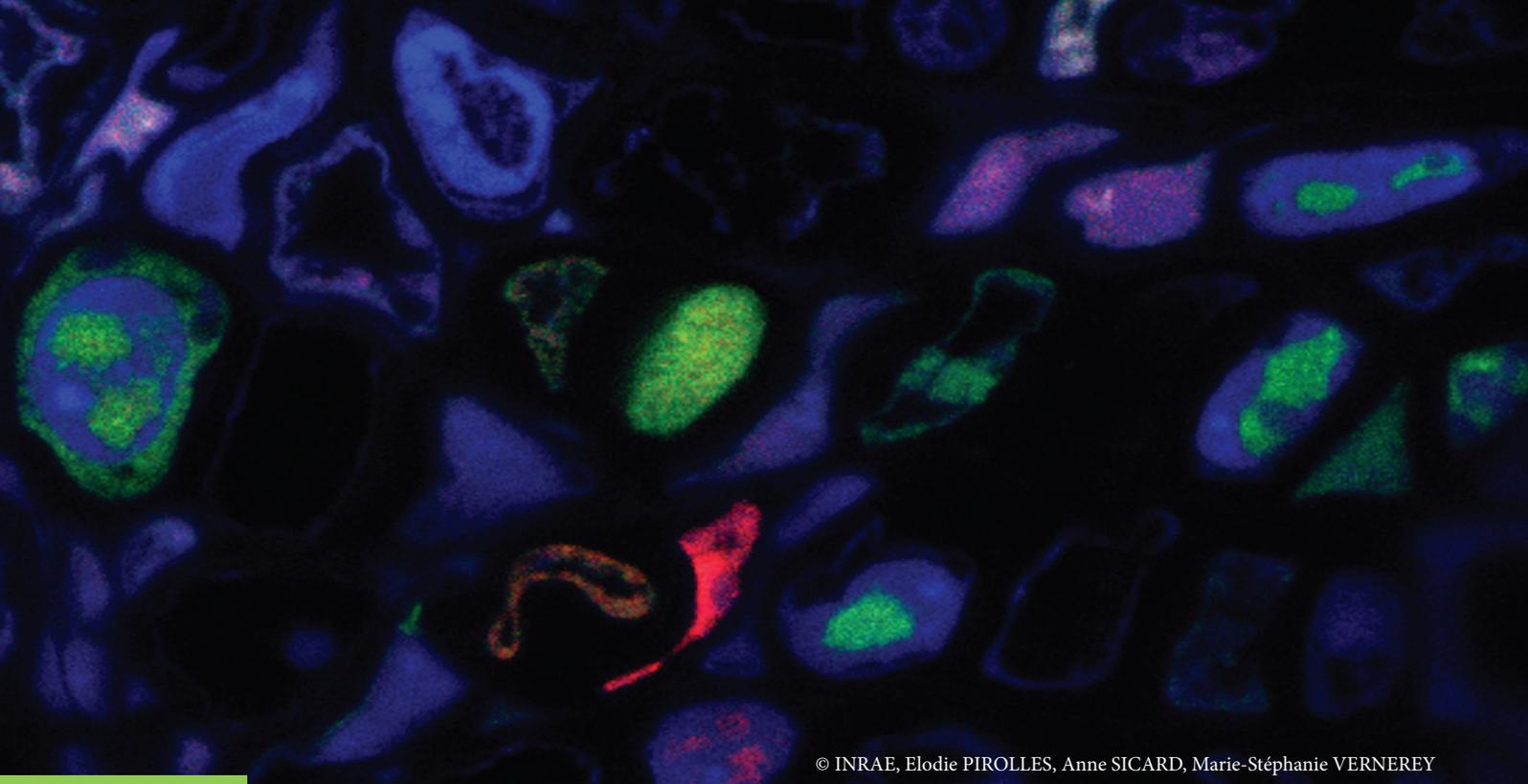
DOI : 10.1371/journal.pcbi.1006067  
DOI : 10.1111/nph.14701

Les agents pathogènes évoluent sans cesse et contournent fréquemment les résistances des variétés déployées sur le terrain. Dans ce contexte, deux grands types de stratégies sont envisageables. D'une part, le pyramidage consiste à cumuler, lors du travail de sélection variétale, plusieurs gènes de résistance dans une même variété. D'autre part, les associations variétales consistent à cultiver plusieurs variétés dans l'espace et/ou dans le temps par le biais de mélanges intra-parcellaires, de mosaïques paysagères ou de rotations de ces variétés.

Mais en pratique, quelle stratégie choisir et à quelle échelle la déployer ? Existe-il une stratégie capable de concilier les objectifs de la protection des plantes, notamment le contrôle à court terme des bioagresseurs, et la préservation à long terme des ressources génétiques que constituent les gènes de résistances ? Dans cette quête, la modélisation constitue un outil intégrateur des connaissances

acquises sur les interactions entre les structures paysagères et les dynamiques épidémiologiques et évolutives des agents pathogènes. Son rôle est d'autant plus important qu'il est très difficile d'expérimenter à l'échelle paysagère, et sur plusieurs années.

Deux modèles mathématiques, traitant respectivement de maladies causées par des virus et des champignons biotrophes, ont été développés pour étudier ces stratégies. La confrontation entre ces deux modèles a souligné le rôle clé de la préexistence ou non (lors du déploiement des résistances) d'agents pathogènes adaptés aux résistances dans le choix entre des stratégies basées sur le pyramidage et celles basées sur les associations variétales. Il en ressort que les pyramides sont plus durables que les mosaïques paysagères en l'absence de génotypes pathogènes pré-adaptés. Une fois ces derniers apparus (par mutation ou migration), les mosaïques deviennent plus performantes.



© INRAE, Elodie PIROLLES, Anne SICARD, Marie-Stéphanie VERNERÉY

# Découverte d'un mode de vie pluricellulaire pour un virus, une première en virologie

## 2019

Les différents segments constitutifs du génome d'un virus dit multipartite peuvent exister dans des cellules distinctes de l'organisme cible, et travailler ensemble pour provoquer une infection. Cette observation inédite va à l'encontre du paradigme fondateur en virologie, qui considère que le génome entier d'un virus pénètre et se réplique à l'intérieur d'une même cellule, puis passe à une autre cellule où il se réplique à nouveau, et ainsi de suite pour développer l'infection.

### Contact :

Stéphane BLANC  
stephane.blanc@inrae.fr  
INRAE, UMR0385 PHIM Plant Health Institute of Montpellier, Centre de recherche Occitanie-Montpellier

### Mots-clés :

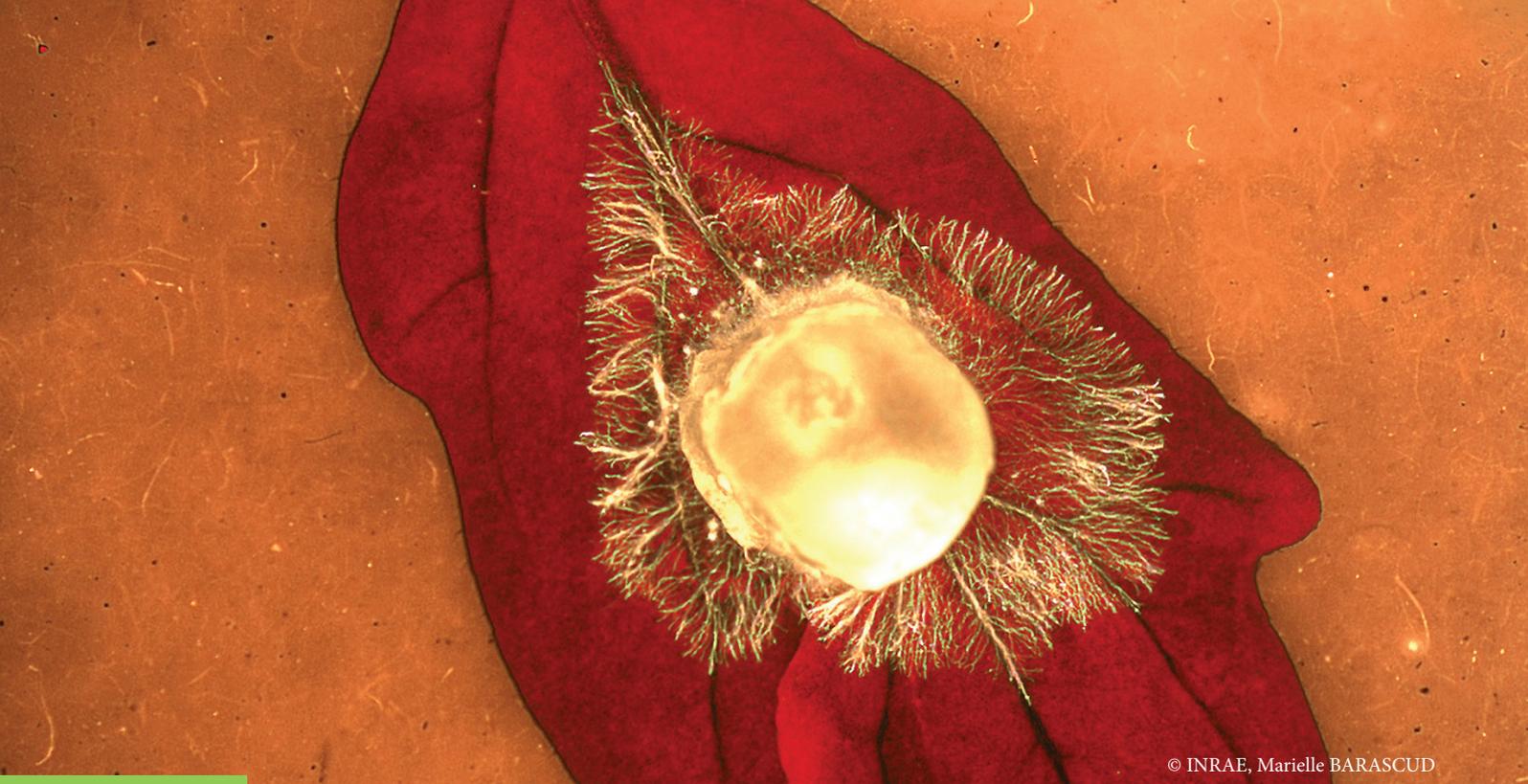
communication intercellulaire, infection, multipartite, multiplicité d'infection, virus

DOI : 10.1371/journal.pcbi.1006067

Les virus multipartites sont des systèmes génétiques mal connus, alors qu'ils constituent près de 40 % des genres et familles virales chez les plantes. Les chercheurs se sont intéressés au « faba bean necrotic stunt virus », un virus multipartite de plante provoquant de graves maladies sur les légumineuses. Son génome est constitué de 8 segments différents, chacun encapsidé dans une particule virale distincte. Ils ont étudié le mécanisme d'infection en détectant la présence des différents segments viraux dans les cellules de la plante en utilisant la microscopie confocale à fluorescence. Ils ont montré que les différents segments peuvent exister dans des cellules distinctes entre lesquelles ils peuvent échanger leur produit d'expression et ainsi travailler ensemble pour causer l'infection à un niveau supra-cellulaire. Les scientifiques avaient toujours considéré que les segments du génome viral devaient se retrouver dans la même cellule, ces résultats originaux prouvent le contraire.

Pour préciser ces observations, les chercheurs ont quantifié la fluorescence des segments marqués dans chaque cellule et ainsi démontré que l'accumulation de chacun de ces huit segments viraux est totalement indépendante de celle des autres. Les chercheurs ont ainsi prouvé que les gènes viraux sont dispersés dans des cellules différentes mais « communiquent » et se complètent d'une cellule à l'autre pour assurer la fonctionnalité du système viral, qui se comporte alors comme un système pluri-cellulaire.

Ce mode de vie très particulier, démontré pour la première fois en virologie, ouvre de grandes perspectives de recherches dans ce domaine. Il est probable que les systèmes viraux multicomposants soient plus répandus qu'on ne l'aurait pensé jusqu'à aujourd'hui. Désormais, pour nombre d'entre eux, un mode de vie pluricellulaire pourra maintenant être testé.



© INRAE, Marielle BARASCUD

## La coopération au sein du réseau fongique permet au *Sclerotinia* de diversifier ses victimes

# 2019

**L**a pourriture blanche *Sclerotinia sclerotiorum* déclenche des maladies sur des centaines d'espèces végétales. Au cours de l'infection, des cellules du réseau de filaments mycéliens produisent des toxines pour démanteler les cellules végétales, alors que leurs voisins constituent des réserves avec les nutriments ainsi libérés. Cette découverte illustre comment la coopération peut générer des caractères complexes tels que le pouvoir infectieux d'un champignon parasite.

### Contact :

Sylvain RAFFAELE  
sylvain.raffaele@inrae.fr  
INRAE, UMR0441 UMR0441 LIPME Laboratoire des Interactions Plantes Microbes Environnement, Centre de recherche Occitanie-Toulouse

### Mots-clés :

champignon pathogène, coopération, division du travail, résistance des plantes

DOI : 10.1073/pnas.1811267116

Le nombre d'espèces différentes qu'un agent pathogène est capable d'infecter dans la nature joue un rôle déterminant dans la propagation des maladies. Alors que de nombreux champignons parasites sont spécialisés sur une espèce hôte, *Sclerotinia sclerotiorum* est un champignon pathogène des plantes reconnu pour sa capacité à infecter une grande variété d'espèces végétales.

Le séquençage global du transcriptome révèle que l'expression des gènes de *S. sclerotiorum* diffère fortement dans les cellules situées à la base et à l'extrémité des filaments au cours de l'infection. Afin de mieux comprendre ces différences, les chercheurs ont reconstruit un modèle métabolique du champignon à l'échelle du génome et ont analysé les flux métaboliques. Une forme de division du travail entre les cellules le long des filaments a été mise en évidence. Le bénéfice lié au fonctionnement coopératif augmente avec la

capacité de la plante à se défendre. Ces conclusions sont corroborées par l'observation d'une croissance invasive réduite lorsque la continuité entre les compartiments centraux et apicaux des filaments fongiques est interrompue, et de façon plus marquée lorsque la plante hôte est plus résistante.

Ces résultats montrent que la coopération entre cellules est un mécanisme favorisant les maladies causées par des agents pathogènes fongiques. Ces échanges modifient les contraintes agissant sur les cellules des agents pathogènes dans leur milieu naturel et devraient être pris en compte dans la conception des stratégies de gestion des maladies.



© INRAE, Benjamin CARBONNE

## Le carabe, un prédateur au service de l'agriculture

# 2019

**E**t si les carabes pouvaient être utilisés en tant qu'agents de lutte biologique contre les mauvaises herbes ?

Une vaste étude sur l'alimentation de ces coléoptères dans différentes zones agricoles allant de la France à l'Autriche, montre que nombre de ces insectes seraient effectivement consommateurs des graines de mauvaises herbes.

### Contact :

David A. BOHAN  
david.bohan@inrae.fr  
INRAE, UMR1347 Agroécologie, Centre de recherche  
Bourgogne-Franche-Comté

### Mots-clés :

adventice, biocontrôle, carabe, lutte biologique, prédation

DOI : 10.1007/s10340-019-01109-5

Les carabes sont des coléoptères appartenant à la famille des Carabidés. Il en existe près de 1000 espèces en France, certaines sont noires, d'autres sont colorées et leur taille varie du millimètre à plusieurs centimètres. Ils occupent presque tous les milieux et sont particulièrement nombreux dans les parcelles agricoles. Ils vivent sur ou sous la terre et sont surtout actifs la nuit.

Ce sont des insectes auxiliaires, des prédateurs qui permettent la régulation des ravageurs de culture. Ils sont utilisés en lutte biologique contre les limaces et les pucerons. Les carabes sont également de bons indicateurs biologiques de l'état des écosystèmes. Cela fait d'eux un groupe zoologique souvent utilisé pour les travaux de recherche sur la biodiversité.

Les chercheurs ont réalisé un échantillonnage des espèces de

carabes dans une zone allant de la Bourgogne, en France, à Vienne en Autriche. Des analyses moléculaires (PCR) ont ensuite été effectuées afin d'étudier le contenu stomacal des carabes. Les résultats de ces analyses indiquent que jusqu'à 90 % des carabes les plus fréquents dans les parcelles agricoles avaient consommé des graines de mauvaises herbes. Cette consommation représente une part importante de leur alimentation, plus élevée par exemple que des proies telles que les limaces ou les pucerons.

Ainsi, les carabes se nourrissent en grande partie de graines de mauvaises herbes. Ils pourraient être utilisés en agriculture, à grande échelle, dans le but de diminuer l'utilisation d'herbicides. La suite de ces travaux, s'orientera vers la modélisation de la chaîne alimentaire reliant les carabes, les graines de mauvaises herbes et les proies.



**Département Santé des Plantes et Environnement**

400 route des Chappes - BP 167

06903 Sophia Antipolis Cedex

Tél. : +33 1 (0)4 92 38 64 93

spe-dpt@inrae.fr

Rejoignez-nous sur :



[twitter.com/INRAE\\_DPT\\_SPE](https://twitter.com/INRAE_DPT_SPE)

**Institut national de recherche pour  
l'agriculture, l'alimentation et l'environnement**



**RÉPUBLIQUE  
FRANÇAISE**

*Liberté  
Égalité  
Fraternité*

**INRAE**