Prix de mémoire de fin d'études de la Fondation Xavier Bernard

ANNEE : 2020

TITRE : Définir des stratégies efficaces de déploiement variétal pour le contrôle de la cercosporiose noire en Martinique et en Guadeloupe

AUTEUR : Clarisse VINCENT

ECOLE : Montpellier SupAgro

Laboratoire d'accueil : CIRAD-UMR BGPI Equipe Biologie évolutive des champignons phytopathogènes (BECphy) Campus International Baillarguet 34 398 Montpellier Cedex 5

Rapporteurs de l'Académie d'agriculture de France : Claude Pope et Isabelle Goldringer

Résumé
Actuellement, le levier le plus durable et acceptable pour l'environnement pour lutter contre les maladies des plantes est la résistance génétique, par l'utilisation de variétés résistantes. L'objectif de cette étude est d'identifier les agencements spatiaux permettant de contrôler efficacement la cercosporiose noire par modélisation. Pour cela, la démarche a consisté : i) à paramétrer un modèle démo-génétique générique (*landsepi*) au cas de la cercosporiose noire et ii) à comparer différentes stratégies de déploiement de variétés résistantes dans des paysages réels. L'analyse statistique des scénarios simulés montre que les mélanges aléatoires au sein d'une parcelle sont plus efficaces que les mosaïques parcellaires, quels que soient le type de paysage et le type de spore considérés. La proportion de variété résistante déployée est le facteur le plus impactant sur le niveau de sévérité de la maladie dans le paysage. Ces résultats devront être confirmés sur des paysages moins grands et un calibrage plus fin du modèle pour mieux prendre en compte le cycle infectieux de *Pseudocercospora fijiensis.*

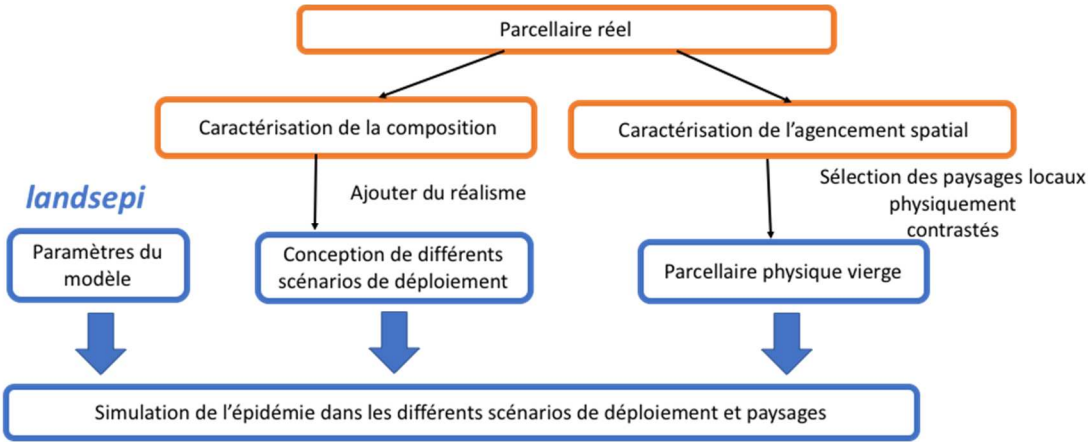
Currently, the most sustainable and environmentally acceptable lever for controlling plant diseases is genetic resistance through the use of resistant varieties. The objective of this study is to identify which spatial arrangements can efficiently control Black Sigatoka by modelling. To do this, the approach consisted of: i) parameterising a generic demo-genetic model (landsepi) to Black Sigatoka, and ii) comparing different resistance deployment strategies in actual landscapes. Statistical analyses of the simulated scenarios show that random mixtures within a plot are more effective than field mosaics, regardless of the type of landscape and of spore considered. The proportion of the resistant variety deployed is the most influential factor on the level of disease severity in the landscape. These results should be confirmed using smaller landscapes and finer parameterisation of the model to better take into account the infectious cycle *of Pseudocercospora fijiensis.*

Contexte et enjeux
La cercosporiose noire, causée par le champignon phytopathogène *Pseudocercospora fijiensis* est une des contraintes biotiques majeures de la culture bananière (Churchill, 2011 ; Guzmán *et al.,* 2018). La maladie réduit la capacité photosynthétique des feuilles ce qui a pour conséquence une réduction du rendement et de la qualité des fruits. Or, la production des bananes aux Antilles françaises est le premier produit agricole et l'exportation repose sur l'utilisation d'un seul cultivar sensible Cavendish. Ainsi, face à l'évolution rapide de *P. fijiensis* et à peu de moyens de lutte à disposition, il est nécessaire de réfléchir à un déploiement efficace et durable de la nouvelle variété Cirad 925 pour éviter un contournement de sa résistance. Dans le cadre du projet DuRéBan (Durabilité des Résistances à la cercosporiose noire des nouvelles variétés de Bananiers), cette étude a pour but de déterminer quels agencements spatiaux dans le paysage des Antilles

peuvent permettre de contrôler efficacement la Cercosporiose Noire via le déploiement de la variété Cirad 925 partiellement résistante.

Objectifs et méthodes

L'objectif de ce travail est d'identifier par la modélisation des stratégies efficaces pour le contrôle épidémiologique de la cercosporiose noire via le déploiement d'un hybride élite dans des paysages réels de production bananière des Antilles. La démarche a consisté à caractériser les paysages réels, à paramétrer le modèle générique *landsepi* spécifiquement pour le bananier et à réaliser les simulations sur ces paysages afin d'identifier les meilleures stratégies. Ce modèle démo-génétique développé par INRAE (Avignon) et le CSIRO (Australie) est implémenté dans un package R : *landsepi* (Rimbaud *et al., 2018*). La démarche adoptée pour simuler le déploiement de la variété selon différents scénarios est synthétisée dans la figure suivante.



Points forts

- La réalisation des simulations via le modèle *landsepi* est basée sur l'utilisation de paysages réels.
- La caractérisation des paysages réels en terme de composition et configuration spatiale permet d'ajouter du réalisme dans les scénarios.
- La description des fonctions de dispersion de *P. fijiensis* par Rieux *et al.* (2014) a permis de simuler les matrices de dispersion dans ces paysages.
- De nombreuses possibilités offertes par le modèle en termes d'analyses et de comparaisons de scénarios (proportion, agrégation et des stratégies de déploiement de la résistance) pour l'élaboration de préconisation de déploiement sur le territoire.

Productions scientifiques : La rédaction d'un mémoire de fin d'étude. Des restitutions orales au sein du CIRAD et de l'INRAE d'Avignon.

Perspectives envisagées : Suite à ce travail, un paramétrage plus fin des données épidémiologiques, ainsi que l'intégration de la reproduction sexuée et une validation des résultats du modèle avec des données de terrain restent à réaliser. Il est également envisagé de poursuivre en simulant l'évolution du pathogène sur ces paysages pour concevoir des stratégies de déploiements qui soient à la fois efficaces et durables.

Votre appréciation personnelle : Ce travail est une première approche de ce qu'offre le modèle pour la réflexion de la gestion des maladies à l'échelle des paysages réels de manière efficace. La paramétrisation de ce modèle (*landsepi*) vis-à-vis de la cercosporiose noire du bananier ouvre également de nombreuses perspectives via les nombreuses possibilités de scénarios et types de sorties envisageables. En effet, certaines questions pourraient être intéressantes à étudier pour les programmes de sélection comme : quel est le trait de vie de l'agent pathogène (latence, sporulation, période infectieuse, taux de sporulation) qui a le plus d'impact sur le niveau épidémique ? Ou encore la prise en compte des contraintes économiques pour

le déploiement de la variété (rendement, coût de production, valeur commerciale) qui restent souvent peu considérées.