

Gestion sylvicole à l'échelle d'un massif et évolution du risque associé aux pourridiés racinaires des résineux

Cyril Dutech
Jean-Paul Soularue



UMR BIOGECO, INRA Nouvelle-Aquitaine

Les pourridiés sont-ils en expansion dans le massif landais ?

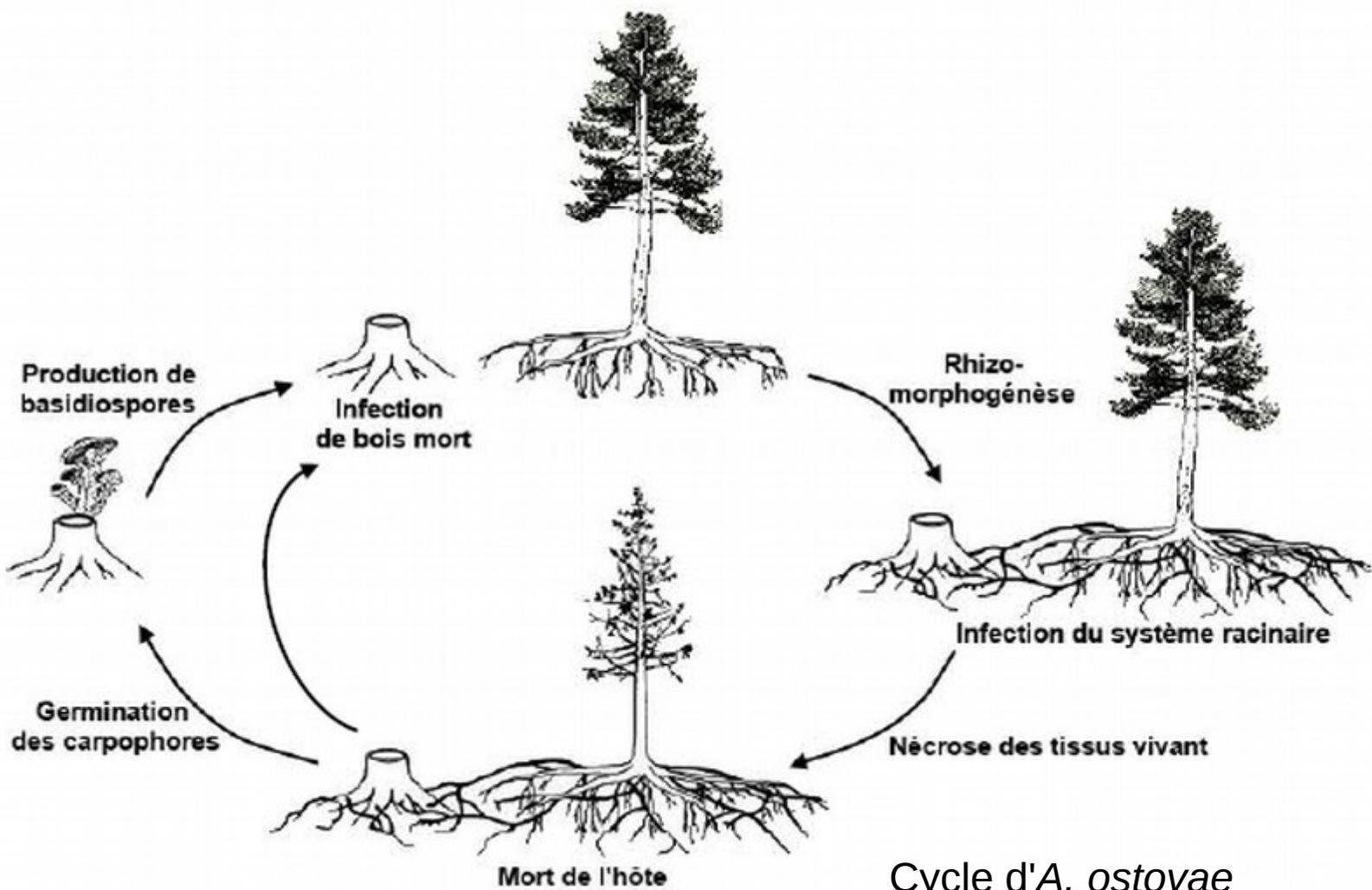
Armillaria ostoyae



Heterobasidion annosum



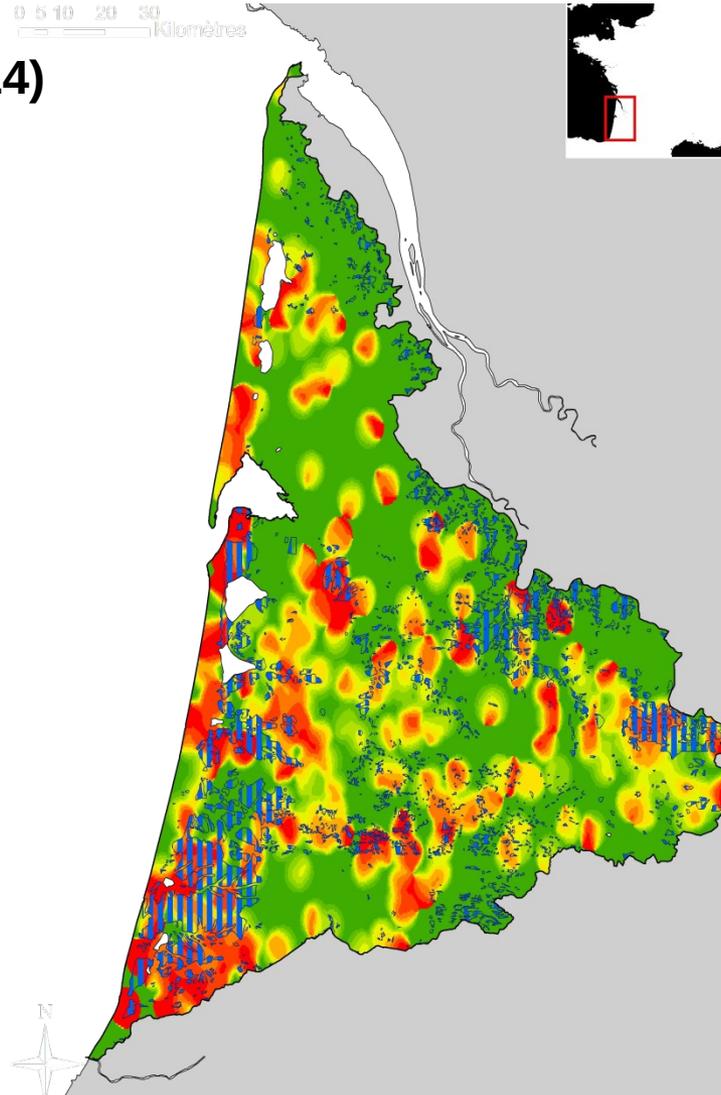
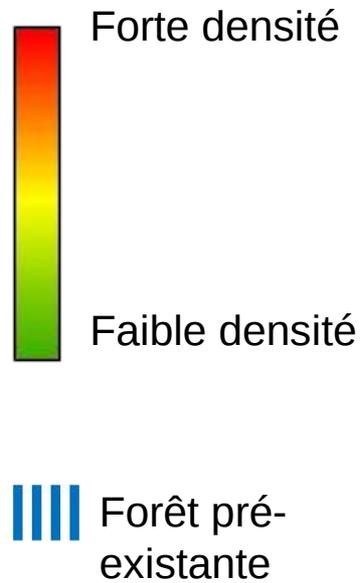
Cycle général des pourridiés



Cycle d'*A. ostoyae*
(Labbé 2015, d'après Verena Fataar, WSL)

Une présence inégale sur le massif

Base DSF (1989-2014)
(Armillaire 547 signalements)



(Thèse de F. Labbé 2015)

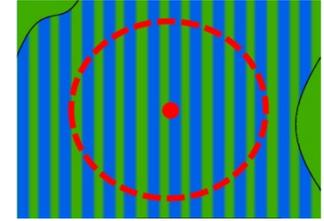
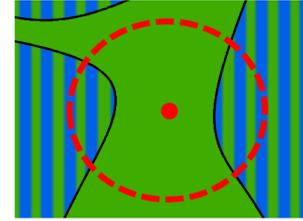
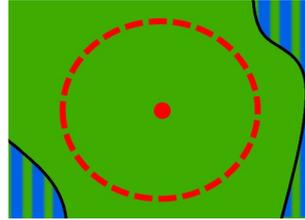
Source possible de l'épidémie : Les forêts pré-existantes



- Fréquence de la maladie selon la proportion de forêts préexistantes :

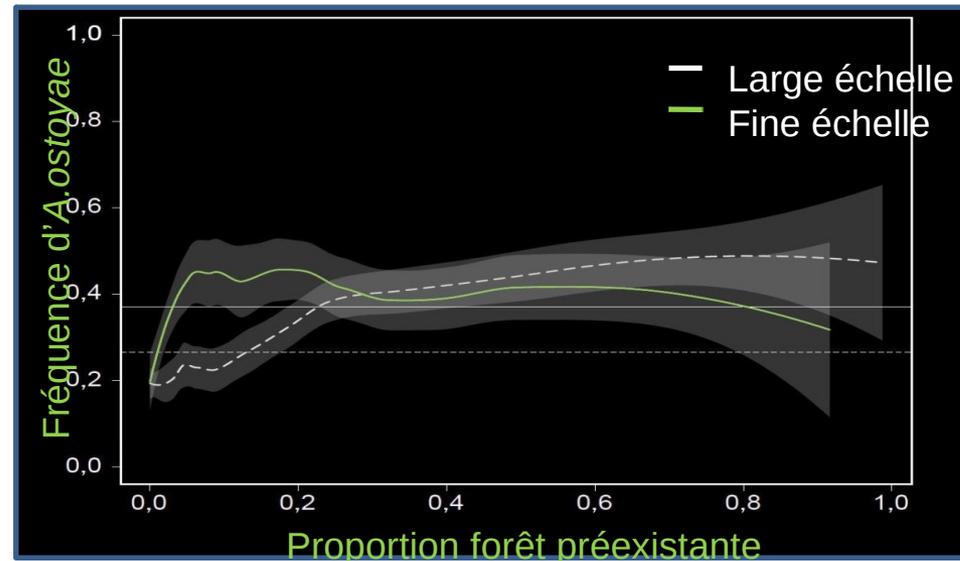


Forêt
préexistante



- Maladie essentiellement présente au sein ou à proximité des forêts préexistantes :

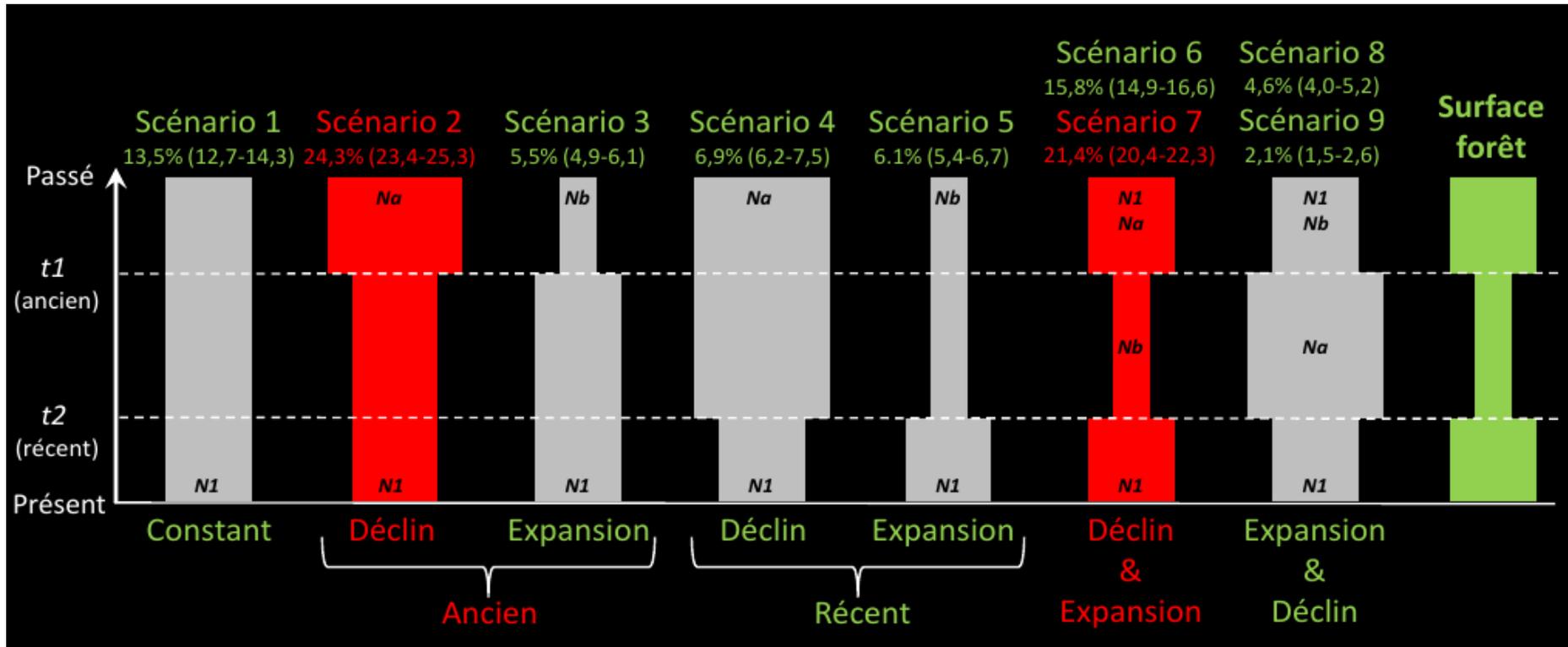
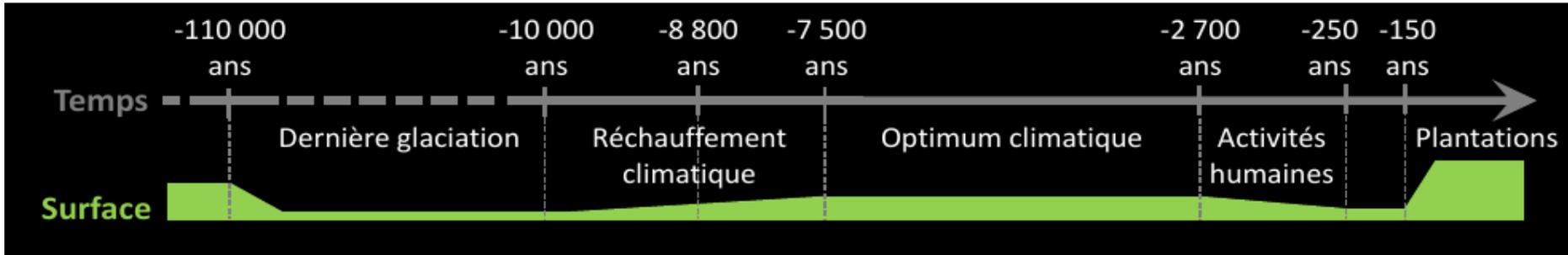
Le risque augmente de 2% pour chaque pourcentage de forêt préexistante supplémentaire.



(Labbé et al. 2015)

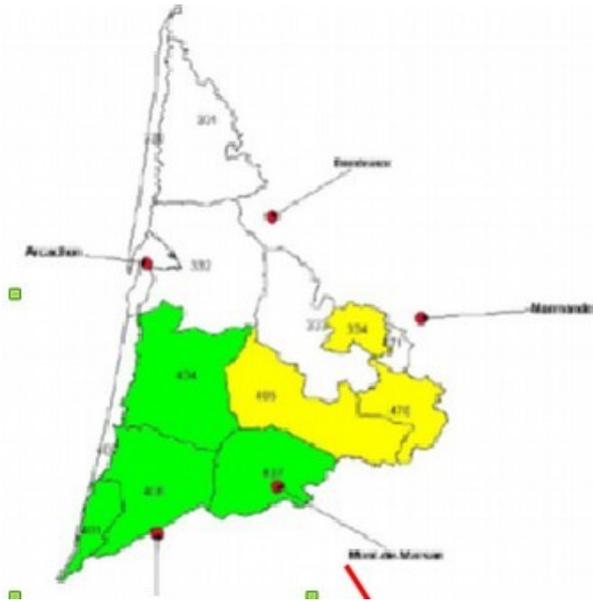
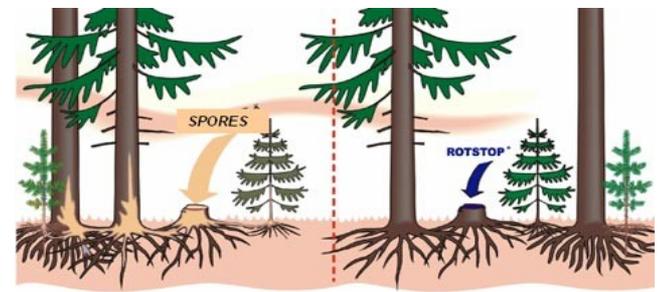
Une signature génétique de l'expansion

(Labbé et al. 2017b)



Et le Fomès ?

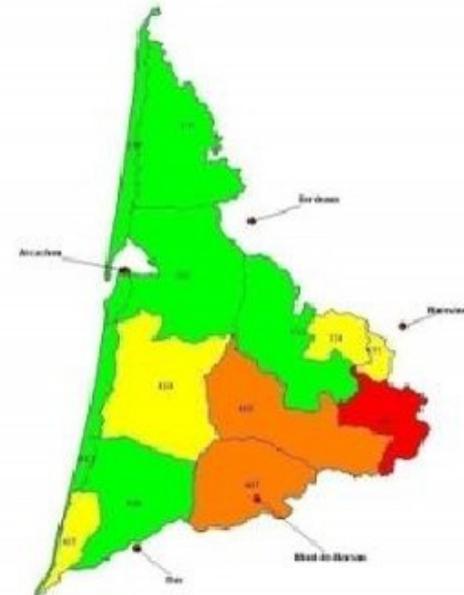
Thierry Aumonier (DSF)



1987

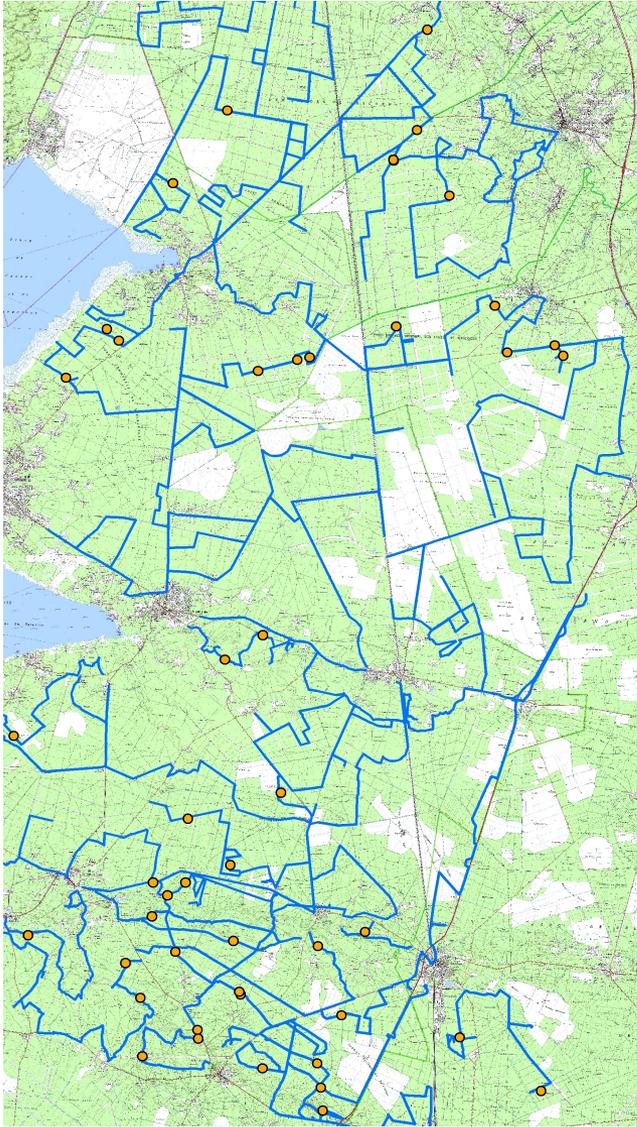
Analyse des néogametes de fomès de 1989 à 2000
Les distributions spatiales représentées ici correspondent pour une superficie de 10000 ha :

- 0 à 1000 m (21)
- 1000 à 2000 m (45)
- 2000 à 2500 m (46)
- 2500 à 2500 m (85)



2005

... Il poursuit sa progression !

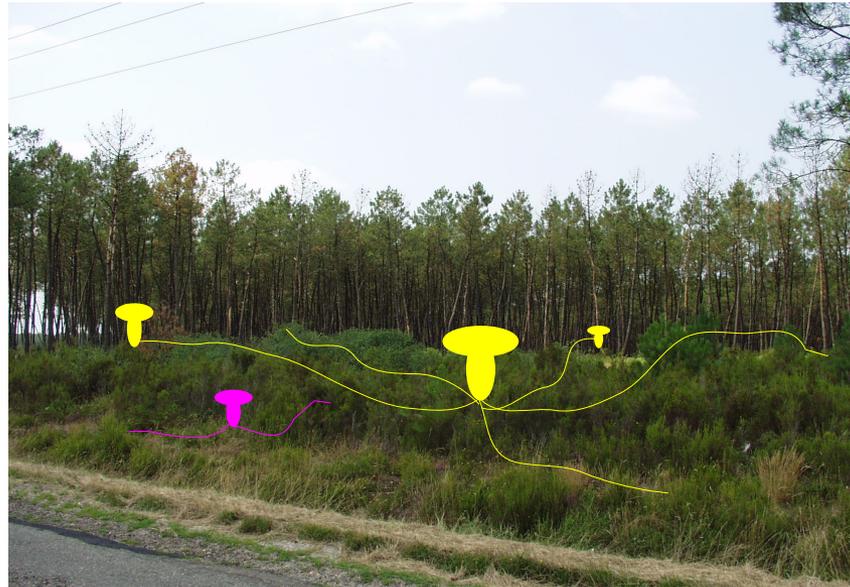


Prospections réalisées en 2013
Thèse de F. Labbé

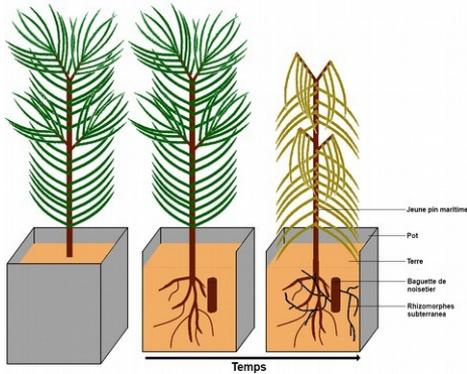


Les populations de pourridiés peuvent-elles devenir plus agressives?

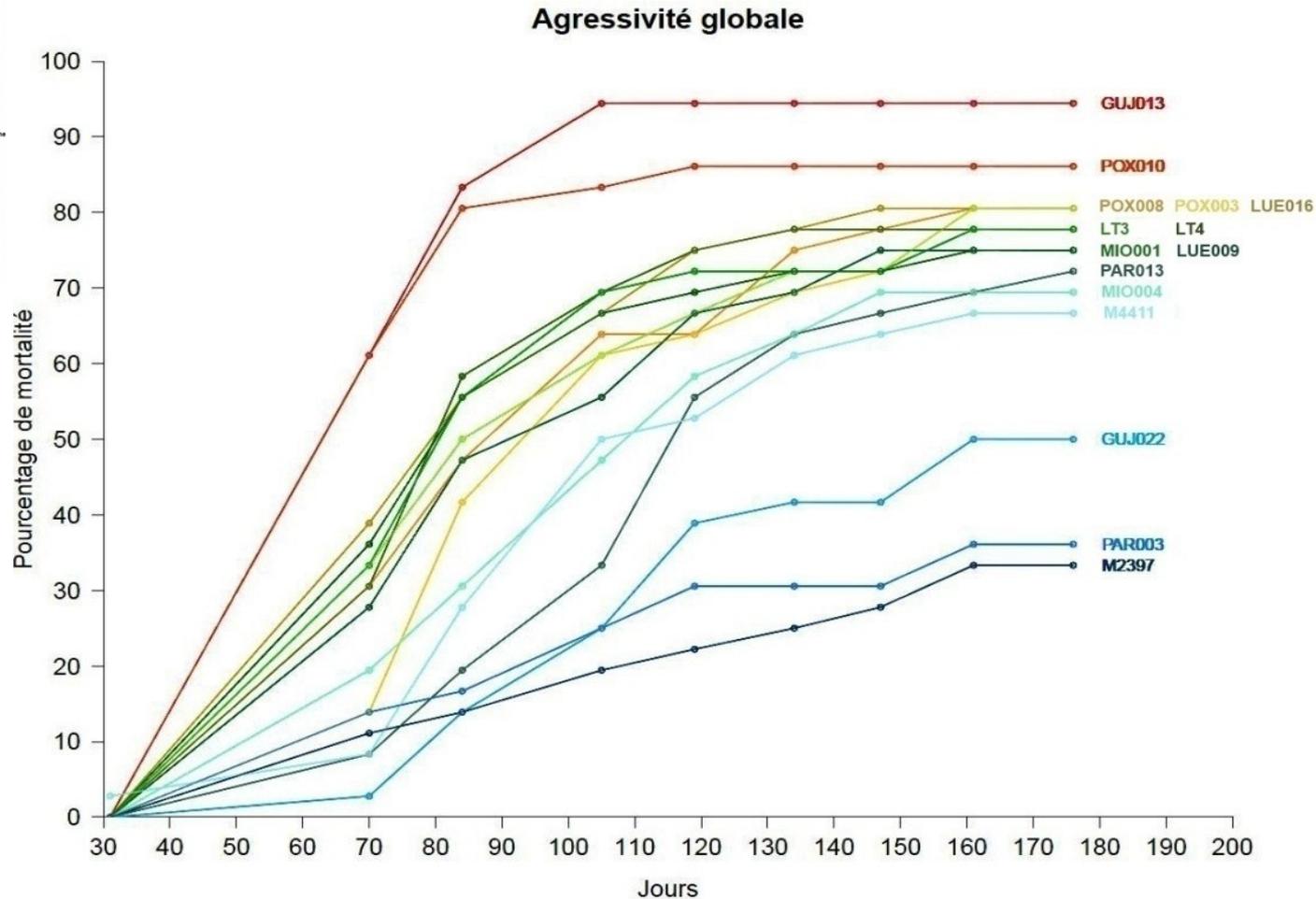
Les forêts monospécifiques offriraient un contexte favorable



La variabilité d'agressivité existe entre génotypes d'armillaire



(Labbé et al. 2017a)



Comment mieux prédire et gérer ?

Constat :

Les suivis à long terme sont difficiles

- Maladie dispersée et à progression souterraine
- Élimination rapide des arbres morts

L'alternance de phases (saprotrophe / parasite) pose la question des caractéristiques biologiques responsables du succès invasif

- Agressivité
- Dispersion
- Conservation

L'approche par modélisation peut être complémentaire

Quel effet de la durée de révolution sur l'évolution de la virulence et la propagation des pourridiés à l'échelle d'un paysage ?

Utilisation de la modélisation

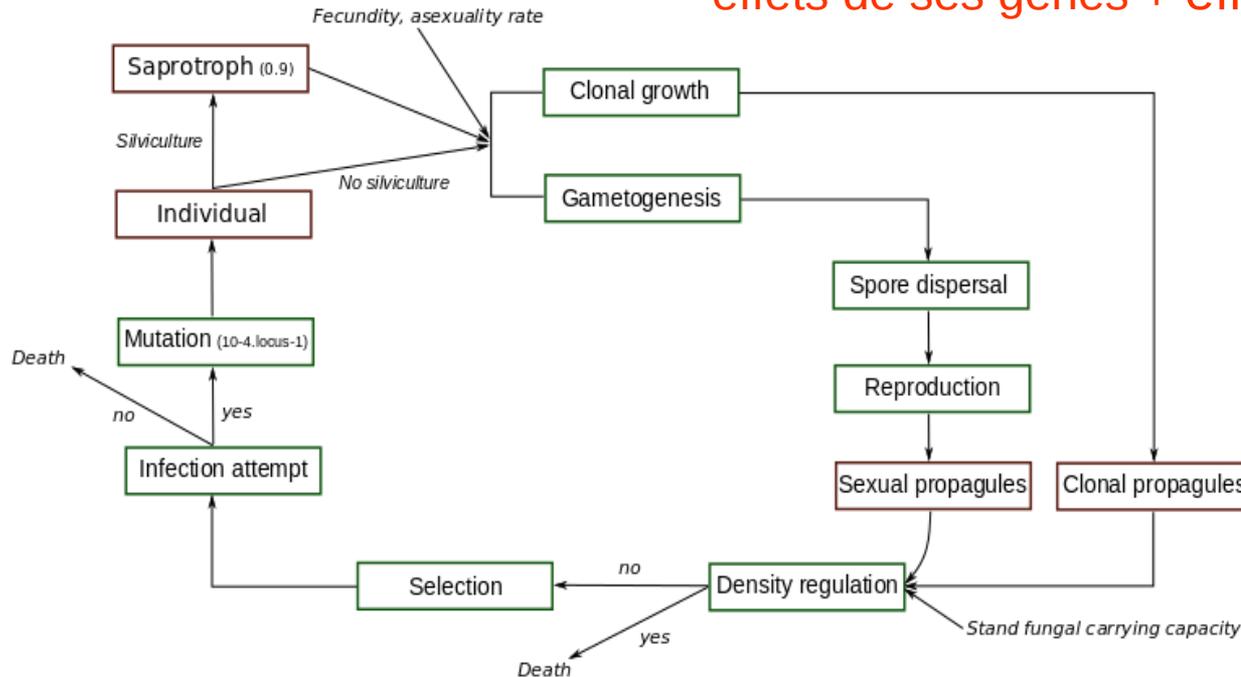
- Les processus épidémiologiques et évolutifs se produisent à l'échelle du paysage
 - Dispersion des basidiospores entre parcelles (Dutech et al. 2017)
 - Nécessité d'étudier conjointement la propagation de la maladie entre parcelles et l'évolution de la virulence (Day and Proux, 2004)
 - Hétérogénéité des parcelles à prendre en compte : âge, variétés, espèces... influant sur la résistance
- Nécessité de prendre en compte plusieurs révolutions
- Etudes expérimentales difficiles à mener
 - **Utilisation d'un modèle génétiquement et spatialement explicite**

Un modèle pathogène-centré : champignon

```
def init(Landscape_trees, Landscape_fungi, nb_stands, nb_trees, nb_fungal_effects):
    """Single display of stands mean density and resistance"""
    ...
    print "----- stands carrying capacity for fungi and resistance -----"
    for s in range(Landscape_trees):
        print "stand %d" % s
        print "carrying capacity for fungi: %d" % Landscape_trees[s].carrying_capacity_fungi
        print "resistance: %d" % Landscape_trees[s].resistance
    ...
def init(Landscape_fungi, nb_stands, nb_trees, nb_fungal_effects):
    """Single display of a subset of fungal genotypes in each stand"""
    ...
    nb_stands = nb_stands
    nb_trees = nb_trees
    nb_fungal_effects = nb_fungal_effects
    ...
    for s in range(Landscape_fungi):
        print "stand %d" % s
        print "genotype: %d" % Landscape_fungi[s].genotype
        print "resistance: %d" % Landscape_fungi[s].resistance
        print "carrying capacity: %d" % Landscape_fungi[s].carrying_capacity
    ...
def evolve(Landscape_trees, Landscape_fungi, nb_stands, nb_trees, nb_fungal_effects, resistance):
    """Evolve the model"""
    ...
    for s in range(Landscape_trees):
        print "stand %d" % s
        print "resistance: %d" % Landscape_trees[s].resistance
        print "carrying capacity: %d" % Landscape_trees[s].carrying_capacity
    ...
```

Description algorithmique de chaque individu/pathogène (= foyer d'infection), de ses gènes, de son cycle de vie

Virulence de chaque individu = effets de ses gènes + effet aléatoire



Cycle annuel discret

Génération chevauchante (saprotrophisme)

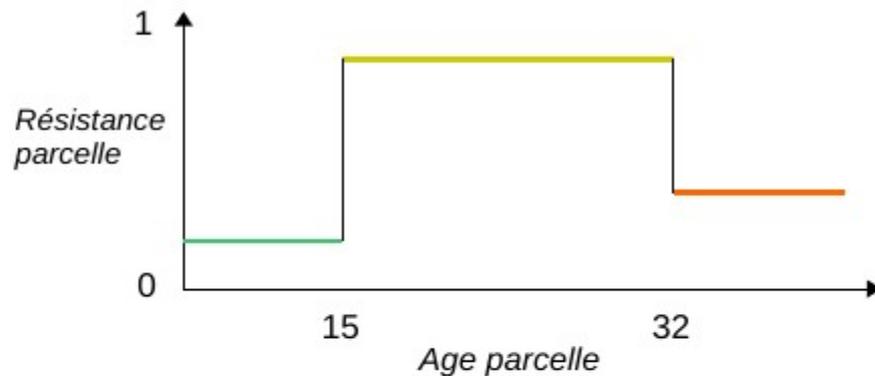
Combinaison clonalité/sex

Dispersion des spores entre parcelles voisines

Durée de vie hors d'un arbre : 20 ans

Un modèle pathogène-centré : paysage

Résistance des pins d'une parcelle dépend de leur âge



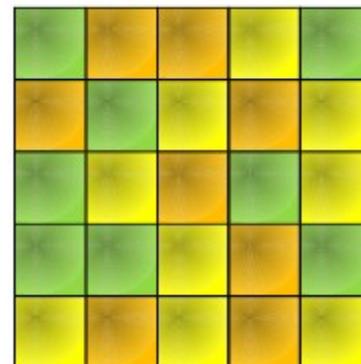
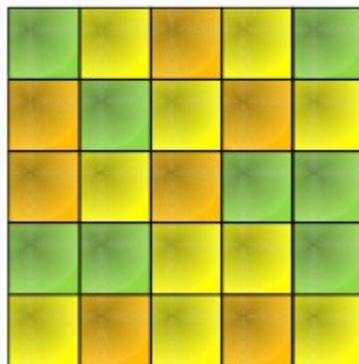
Jeune → **Vulnérable**

Adulte → **Résistant**

Mature → **Moins-résistant**

(Lung-Escarmant et Guyon, 2004 ; Pukkala et al. 2005)

Paysage = ensemble de parcelles exploitées, représentées par leur âge moyen



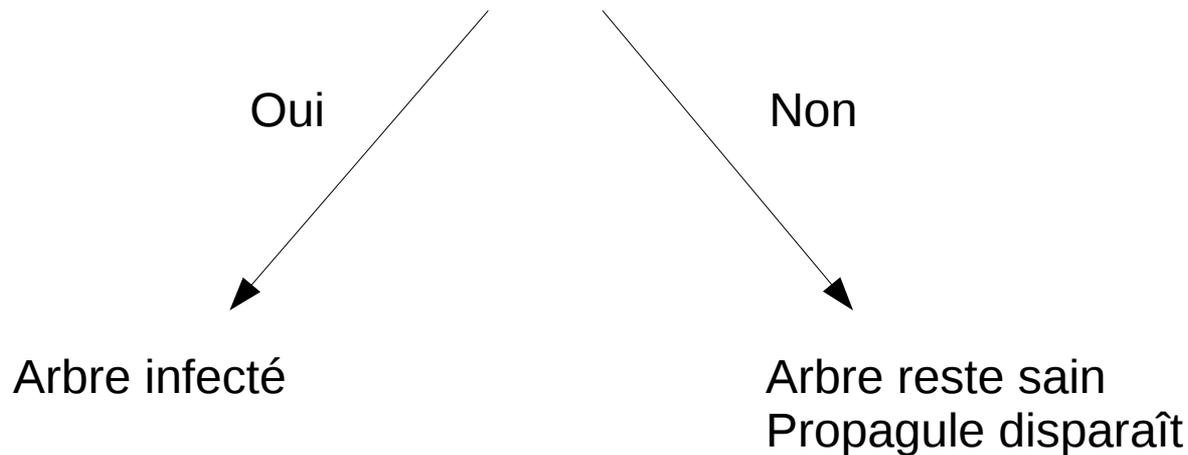
→
Vieillissement des pins + révolutions

Un modèle pathogène-centré : interaction hôte-pathogène

Chaque génération, dans chaque parcelle, chaque propagule tente d'infecter un arbre sain :

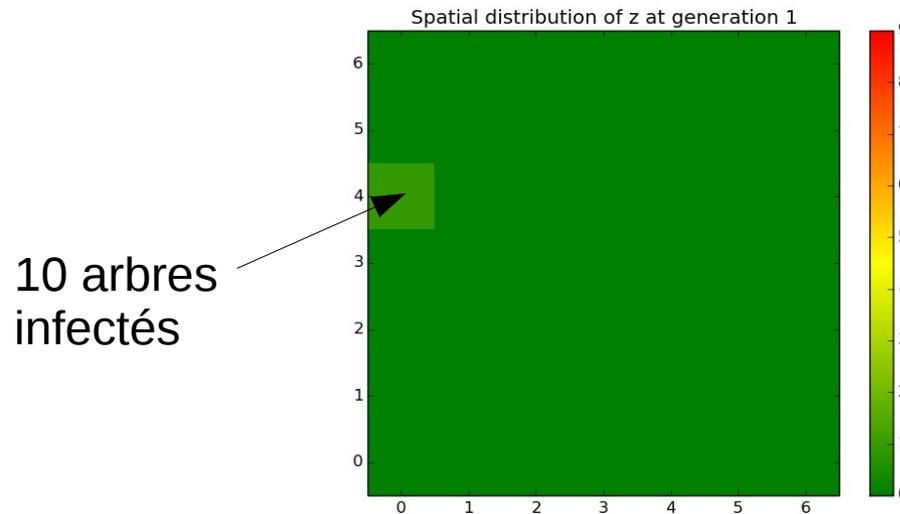
$$\text{proba infection} = \text{virulence_patho} \times \text{résistance_hôte}$$

Tirage aléatoire pondéré par **proba infection**



Scénarios

Configuration de départ :



Proportions initiales de classes d'âge : $J=1/3$, $A=1/3$, $M=1/3$ distribuées aléatoirement

Capacité de charge par classe d'âge : $J=1000$, $A=500$, $M=300$

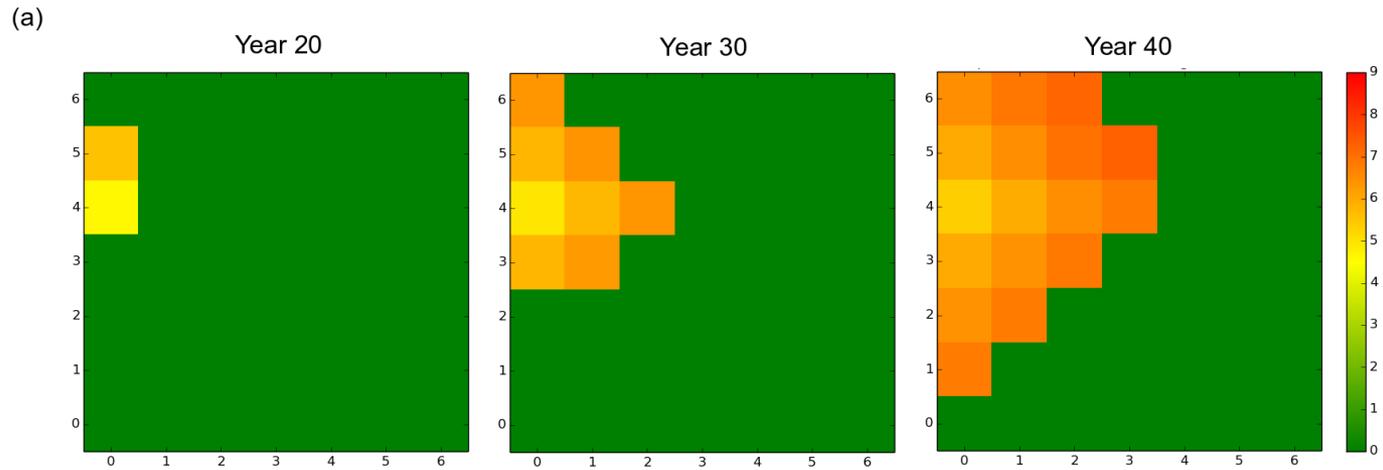
Durée de révolution : 15, 30 ou 50 ans

Proportions des spores sexuées dispersée entre parcelles : 5 %

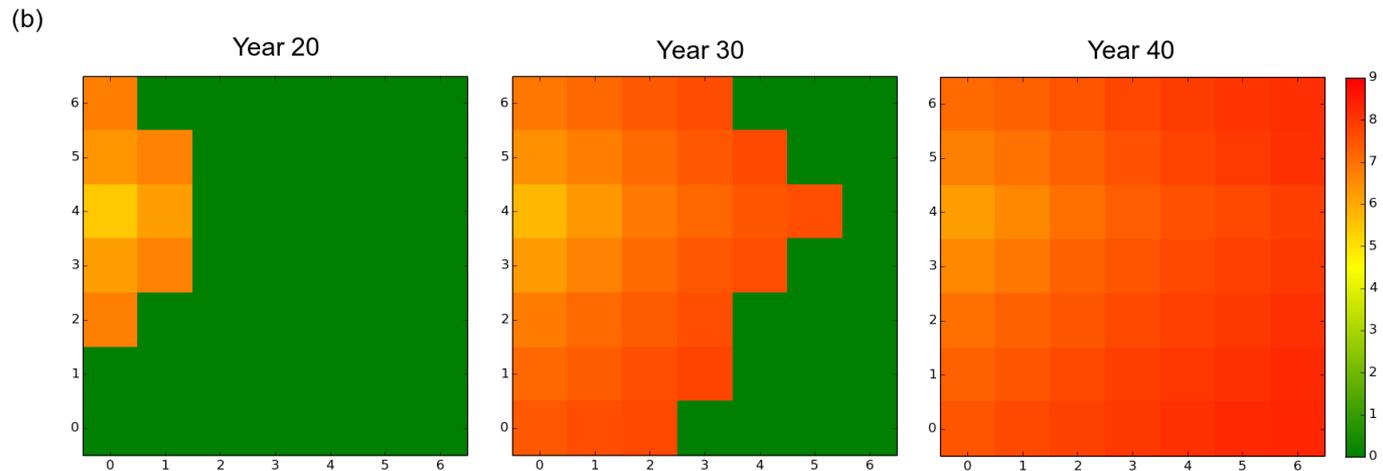
Taux de clonalité : 0.8 pour Armillaire, 0.2 pour Fomès → 2 stratégies contrastées

Résultats : propagation

Armillaire



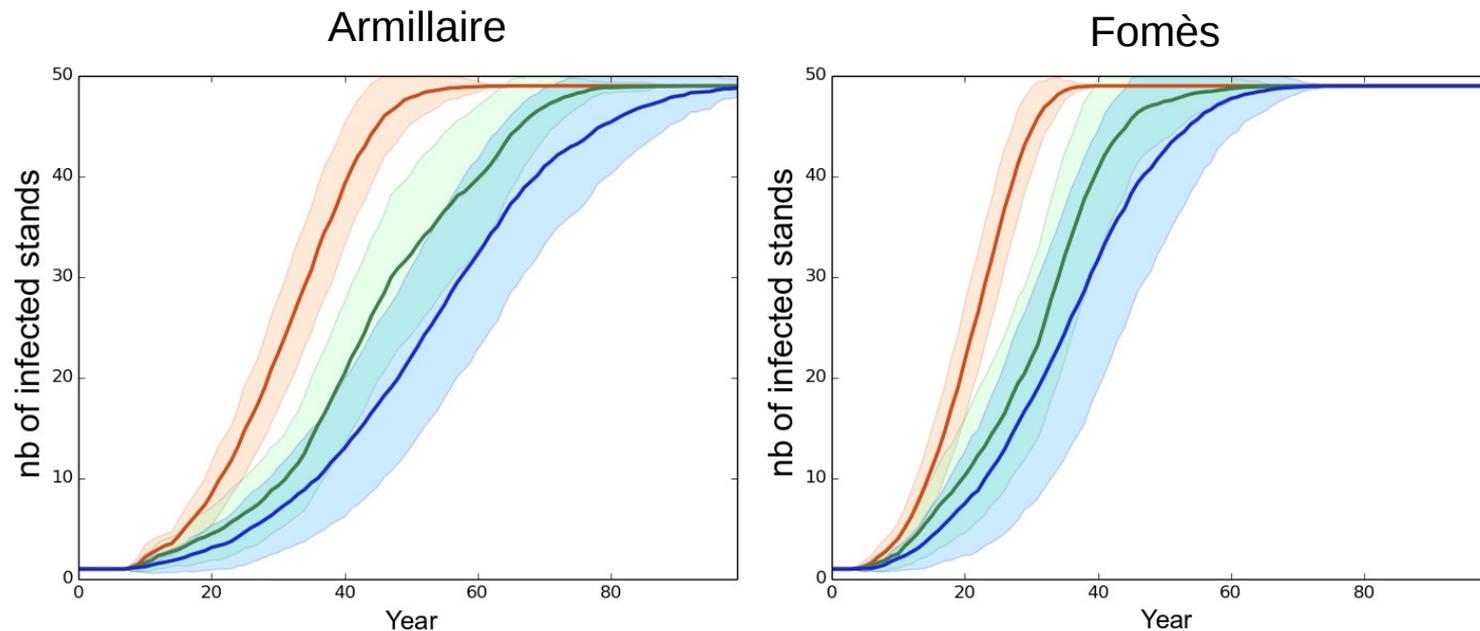
Fomès



Durée de révolution : 15 ans

(Soularue et al. 2017)

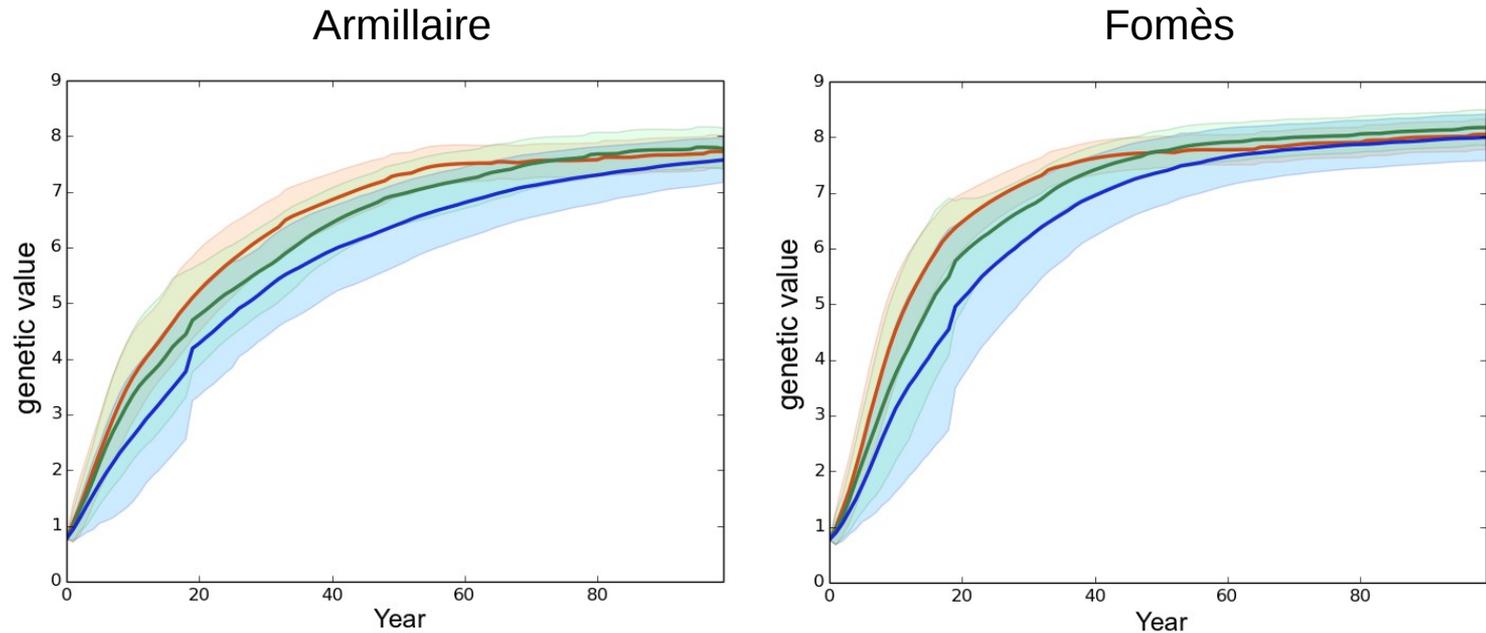
Résultats : propagation



Durée de révolution : 15, 30, 50 ans

(Soularue et al. 2017)

Résultats : évolution de la virulence



Durée de révolution : 15, 30, 50 ans

(Soularue et al. 2017)

Synthèse

- Un premier modèle qui décrit explicitement l'évolution de pourridiés dans un contexte de sylviculture à l'échelle d'un massif → importance du saprotrophisme
- Réduire la durée de révolution accélère l'évolution de la virulence des pourridiés et leur propagation
- Perspectives :
 - effet désouchage
 - variabilité de pratiques de gestion entre parcelles
 - Considérer d'autres stratégies