

BURKINA FASO

Unité-Progrès-Justice

**MINISTRE DE L'ENSEIGNEMENT SUPERIEUR DE LA RECHERCHE
SCIENTIFIQUE ET DE L'INNOVATION (MESRSI)**

UNIVERSITE NAZI BONI (UNB)

INSTITUT DU DEVELOPPEMENT RURAL (IDR)



MEMOIRE DE FIN DE CYCLE

En vue de l'obtention du

DIPLOME D'INGENIEUR DU DEVELOPPEMENT RURAL

OPTION : AGRONOMIE

Thème :

**Le virus de la panachure jaune du riz (RYMV) en Afrique de l'Ouest :
caractérisation moléculaire des souches, identification de sources de
résistance et détermination des aspects épidémiologiques du virus**

Présenté par : OUATTARA Bakary

Maître de stage : Dr Drissa SEREME

Directeur de mémoire : Pr Irénée SOMDA

N :2017/AGRONOMIE

Novembre 2017

TABLE DE MATIERES

DEDICACE.....	v
REMERCIEMENTS	vi
LISTE DES TABLEAUX	viii
LISTE DES FIGURES.....	ix
LISTE DES PHOTOS.....	x
SIGLES ET ABREVIATIONS	xi
RESUME.....	xiii
ABSTRACT	xiv
INTRODUCTION GENERALE.....	1
Chapitre 1 : Généralités sur le riz.....	4
I. Connaissances générales sur la plante	4
1.1. Taxonomie du riz.....	4
1.2. Origine et domestication du riz.....	4
1.3. Morphologie et développement de la plante.....	5
1.3.1. Morphologie	5
1.3.2. Développement de la plante.....	6
1.4. Exigences écologiques du riz	7
II. Riz et riziculture au Burkina Faso.....	8
2.1. Types de riziculture.....	8
2.1.1. Riziculture pluviale	8
2.1.2. Riziculture de Bas fond	8
2.1.3. Riziculture irriguée	8
2.2. Diversité génétique du riz	9
2.3. Importance alimentaire et économique du riz.....	9
2.4. Contraintes de la riziculture.....	11
2.4.1. Contraintes abiotiques	11
2.4.2. Contraintes biotiques	12
Chapitre 2 : Panachure jaune du riz et adventices hôtes.....	13
I. Généralités sur les maladies virales du riz	13
II. Maladie de la panachure jaune du riz.....	14
2.1. Description et répartition de la maladie.....	14
2.2. Symptômes de la panachure jaune du riz	15
2.3. Mode de Transmission	16

2.4. Importance économique.....	18
III. Virus de la panachure jaune du riz (<i>Rice Yellow Mottle Virus</i>)	19
3.1. Classification et structure	19
3.2. Organisation génomique.....	20
3.3. Variabilité du RYMV.....	21
3.3.1. Variabilité sérologique	21
3.3.2. Variabilité pathogénique.....	21
3.3.3. Phylogénie	22
IV. Adventices du riz.....	24
4.1. Définition	24
4.2. Classification et identification	25
4.2.1. Classification.....	25
4.2.2. Identification.....	25
4.3. Nuisibilité des mauvaises herbes	26
4.4. Adventices hôtes du RYMV.....	26
V. Méthodes de lutte contre la panachure jaune du riz.....	28
5.1. Pratiques culturales.....	28
5.2. Lutte chimique.....	28
5.3. Lutte génétique	29
5.4. Lutte intégrée.....	30
Chapitre 3 : MATERIEL ET METHODES	32
I. Caractérisation moléculaire des souches de RYMV.....	32
1.1. Matériel	32
1.1.1. Zones de collectes.....	32
1.2. Méthode.....	33
1.2.1. Multiplication des isolats	33
1.2.2. Extraction des ARNs totaux	33
1.2.3. Amplification du gène de la protéine de capsid par RT-PCR	33
1.2.3.1. Retro transcription (RT).....	34
1.2.3.2. Amplification par PCR	34
1.2.4. Electrophorèse sur gel d'agarose	34
1.2.5. Analyse des séquences	35
II. Evaluation de la résistances/tolérances au RYMV par criblage variétal	35
2.1. Matériel	35
2.1.1. Matériel végétal	35
2.1.2. Matériel viral	37
2.1.3. Mesure SPAD.....	37

2.2. Méthode.....	38
2.2.1. Dispositif expérimental	38
2.2.2. Inoculation du RYMV.....	38
2.2.3. Evaluation de la résistance/tolérance au RYMV	39
2.2.3.1. Délai d'apparition des Symptômes (DAS) et Incidence du RYMV	39
2.2.3.2. Mesure de la teneur en chlorophylle.....	39
2.2.3.3. Taux de réduction de la hauteur (TRH).....	40
III. Inventaire des hôtes potentiels du virus dans les rizières infectées	40
3.1. Matériel	40
3.2. Méthode.....	40
3.2.1. Prospection et collecte d'échantillons d'adventices	40
3.2.2. Mise en place de l'essai	42
3.3. Production de l'inoculum viral et infection des plantes.....	44
3.4. Evaluation du peuplement d'adventice	44
3.5. Identification des espèces hôtes alternatifs du RYMV	44
Chapitre 4 : RESULTATS ET DISCUSSION.....	47
I. RESULTATS.....	47
1.1. Caractérisation moléculaire des souches.....	47
1.1.2. Analyse moléculaire	47
1.1.3. Analyse phylogénétique	49
1.1.3.1. Divergences nucléotidiques.....	49
1.1.3.2. Arbre Phylogénétique	53
1.2. Identification des variétés résistantes/tolérantes au RYMV.....	57
1.2.1. Délai d'apparition des symptômes (DAS) et Incidence du RYMV sur les variétés criblées.....	57
1.2.2. Effet du RYMV sur la teneur des feuilles en chlorophylle	60
1.2.3. Impact du RYMV sur la hauteur des plantes.....	60
1.3. Inventaire des hôtes potentiels du virus dans les rizières infectées.....	62
1.3.1. Inventaire des adventices.....	62
1.3.2. Fréquences des <i>Poaceae</i> et <i>Cyperaceae</i>	69
1.3.3. Identification des adventices hôtes du RYMV	70
1.3.3.1. Symptomatologie	70
1.3.3.2. Test ELISA.....	70
II. DISCUSSION	72
2.1. Caractérisation moléculaire des souches de RYMV	72
2.2. Identification des variétés résistantes/tolérantes au RYMV par criblage variétal	74
2.3. Inventaire des hôtes potentiels du virus dans les rizières infectées.....	78

2.3.1. Adventices inventoriés	78
2.3.2. Adventices hôtes du RYMV identifiés	79
CONCLUSION ET PERSPECTIVES	81
REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES.....	84
ANNEXES.....	97

DEDICACE

A la mémoire de nos parents décédés. Que vos âmes reposent en paix !

*A mes grands frères OUATTARA Alassane, OUATTARA Adama, OUATTARA Amadou et
ma petite sœur OUATTARA Orokya.*

A notre fils OUATTARA Youssef et sa mère ILBOUDO Kadidiata.

Je dédie ce mémoire

REMERCIEMENTS

Le présent rapport est le fruit de la collaboration et de la contribution de plusieurs personnes et structures dont nous avons bénéficié d'un appui multiple et multiforme. Je voudrais adresser mes sincères remerciements à toutes ces personnes qui ont contribué à la réalisation de cette étude.

Nos remerciements s'adressent particulièrement à :

Dr Korodjouma OUATTARA, Directeur du CREAM/K, qui a bien voulu nous accueillir en qualité de stagiaire au sein de sa structure ;

Dr Bernard BACYE, Directeur de l'Institut du Développement Rural (IDR) ;

Dr Drissa SEREME, Chargé de recherche, Directeur adjoint du Laboratoire de Virologie et de Biologies Végétales (LVBV/INERA), notre Co-Directeur de mémoire pour sa disponibilité, ses précieux conseils et l'attention particulière portée à notre stage ;

Pr Irénée SOMDA enseignant chercheur à l'IDR, notre Directeur de mémoire, pour sa disponibilité, ses conseils et observations en vue de l'amélioration de la qualité du document ;

Dr Oumar TRAORE, Directeur de recherche, chef du département de productions végétales de l'INERA, pour nous avoir accueilli dans son département ;

Dr B. James NEYA, Maître de recherche, Directeur du LVBV et du Laboratoire Mixte International (LMI Patho-Bios), pour nous avoir accepté au sein de son laboratoire (LVBV, LMI Patho-Bios) pour nos travaux ;

Dr Christophe BRUGIDOU, Directeur de recherche et co-directeur du LMI Patho-Bios pour nous avoir accepté au sein dudit laboratoire ;

M. Adama SANOU, Ingénieur de recherche, pour nous avoir aidé à faire l'inventaire et l'identification des adventices ;

Dr Blaise OUEDRAOGO, Chargé de recherche INERA/CNRST, pour l'établissement de la carte des zones de collecte des échantillons de sol ;

M. Jean ZABRE, Technicien de laboratoire au LVBV, pour son assistance sur le terrain, sa disponibilité et ses précieux conseils ;

Tous les Doctorants du Laboratoire LVBV, **M. Kader BAMOGO**, **Zongo Pawindé Elisabeth**, **M. Nèbpawendé KABORE**, **M. Moussa KONATE**, **M. Alassane OUATTARA**, **M. Ezechiel TIBIRI** et **Mlle Monique SORO**, plus particulièrement **M. Moustapha KOALA**,

M. Régis LONGUE, M. Patrick ESSOWE, pour leur précieux conseils, assistance, disponibilité, bon humeur et amitié tout au long de notre stage ;

Dr Séverine LACOMBE, Mme Martine BANGRATZ et Mlle Fatoumata GNACKO, membre du LMI Patho-Bios, pour la formation qu'elles nous ont dispensé en biologie moléculaire, leur critiques et conseils pour l'amélioration du document ;

Dr Léon NIKIEMA, pour nous avoir assisté lors de nos manipulations en RT-PCR. Merci également pour ses conseils et sa détermination pour l'amélioration de la qualité du document :

Dr Issa WONNI, pour sa collaboration et sa participation active à la réalisation de notre travail ;

BERTH Teton, pour nous avoir aidé pour le tamisage de nos échantillons de sol ;

Dr Edgard V. S. TRAORE, Dr Fidèle TIENDREBEOGO, M. Zakaria BOUDA, M. Abdoulaye ZONGO, tous membre du LVBV, et **Mlle Stéfanie ZOMBRE**, pour l'intérêt qu'ils ont porté à notre stage, leur soutien tout au long du déroulement du stage ;

M. SOALA Romain, pour son soutien moral et matériel ainsi que ses différents conseils ;

La Section sélection et amélioration variétale du programme riz et riziculture ; pour avoir mis les variétés, pour la fourniture des matériels nécessaires pour la réalisation de notre travail ;

La Présidente de l'Association RES PUBLICA, pour le soutien indéfectible dont nous avons bénéficié durant nos études ;

Dr Timbilfou KIENDREBEOGO, Chercheur à l'INERA/Production animale, et notre cousin **M. Mamadou OUATTARA de Badaba**, pour leurs soutiens et conseils ;

M. KABORE Eric et M. TAPSOBA Hermann, camarades stagiaires ;

Les enseignants de l'Institut du Développement Rural pour la qualité de la formation dont nous bénéficions dans notre formation.

En ces dernières lignes, je voudrais souhaiter plein succès à tous mes promotionnaires de l'IDR avec qui j'ai partagé la vie estudiantine. Je leur formule mes vœux de réussite dans leur vie future. Merci également à tous les amis (es) et tous ce qui m'ont soutenu durant mes études. Qu'ils trouvent ici l'expression de ma profonde reconnaissance.

LISTE DES TABLEAUX

Tableau I : Importance des types de riziculture au Burkina Faso	9
Tableau II : Principaux virus infectant le riz dans le monde	13
Tableau III : Hôtes du virus de la panachure jaune du riz	26
Tableau IV : Liste des variétés utilisées pour le test de criblage	36
Tableau V : Indentification des différentes souches d'appartenance des isolats.....	48
Tableau VI : Divergences nucléotidiques (%) entre les différentes souches de RYMV du Burkina Faso et de la Côte d'Ivoire.....	50
Tableau VII : Divergences nucléotidiques (%) entre les différentes souches de RYMV du Burkina Faso	52
Tableau VIII : Divergences nucléotidiques (%) entre les différentes souches de RYMV de la Côte d'Ivoire.....	53
Tableau IX : Délai d'apparition des symptômes et incidence du RYMV à 14, 28 et 45 JAI	59
Tableau X : Analyse de la variance du taux de la chlorophylle	60
Tableau XI : Taux de réduction de hauteur des variétés vis-à-vis des deux isolats	61
Tableau XII : Variabilité des espèces d'adventice par parcelle et par site	65
Tableau XIII : Espèces hôtes du RYMV identifiées dans les sites prospectés.....	71

LISTE DES FIGURES

Figure 1 : Origine et diversification du Riz.....	5
Figure 2 : Plante de riz montrant sa morphologie	6
Figure 3 : Evolution des superficies, des productions (kg) et des rendements (kg/ha) de riz au Burkina Faso de 2005 à 2011	11
Figure 4 : Distribution de la panachure jaune du riz en Afrique. Les pays où le virus a été isolé apparaissent en orange.....	15
Figure 5 : Symptômes de la panachure jaune du riz.....	16
Figure 6 : Action conjuguée des différents modes de transmission du RYMV dans la propagation de la panachure jaune du riz.....	18
Figure 7 : Structure de la particule virale du RYMV	19
Figure 8 : Organisation génomique du RYMV.....	20
Figure 9 : Phylogéographie du RYMV.....	23
Figure 10 : Culture du riz en Afrique et distribution des souches de RYMV	24
Figure 11 : Zones de collectes des échantillons	32
Figure 12 : Plan d'un bac contenant une variété de riz	38
Figure 13 : Présentation des sites d'étude	41
Figure 14 : Plan de collecte d'échantillon sur une parcelle élémentaire	42
Figure 15 : Electrophorèse des produits d'amplification du gène de la CP sur gel d'agarose 1%.	48
Figure 16 : Arbre phylogénétique indiquant l'appartenance des isolats testés du Burkina Faso et de la Côte d'Ivoire aux souches S1, S2 et Sa du RYMV	54
Figure 17 : Arbre phylogénétique indiquant l'appartenance des isolats testés du Burkina Faso aux souches S1 et Sa du RYMV.	55
Figure 18 : Arbre phylogénétique indiquant l'appartenance des isolats testés de la Côte d'Ivoire aux souches S2 du RYMV.	55
Figure 19 : Proportion des espèces suivant les grands niveaux taxonomiques dans les quatre sites confondus	69
Figure 20 : Fréquence des <i>Poaceae</i> et <i>Cypéraceae</i> en fonction des sites	70

LISTE DES PHOTOS

Photo 1 : SPAD meter 502 Plus	37
Photo 2 : Processus de semis des adventices	43
Photo 3 : Dispositif expérimental de l'essai sur les hôtes réservoirs	43
Photo 4 : <i>Poaceae</i> inventoriées.....	63
Photo 5 : <i>Cyperaceae</i> inventoriées.	63
Photo 6 : Espèces à feuilles larges inventoriées.	64

SIGLES ET ABREVIATIONS

ADN :	Acid Désoxyribo Nucléique
ADRAO :	Association pour le développement de la riziculture en Afrique de l'Ouest
ARICA :	Variété de riz avancée pour l'Afrique
ARN :	Acid Ribonucléique
BET :	Bromure d'Ethidium
BNDT :	Base nationale de données topographiques
cADN :	Acide désoxyribonucléique complémentaire
CEDEAO :	Communauté Economique des Etats de l'Afrique de l'Ouest
CIRAD-GRET :	Centre de Coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement-Groupe de Recherche et d'Echange Technologique
DAS :	Double Anticoprs Sandwich
DGPER :	Direction Générale de la Promotion de l'Economie Rurale
dNTP :	désoxynucléotide triphosphate
DO :	Densité Optique
EDTA :	Acid Ethylène Diamine Tétra-acétique
ELISA :	Enzyme linked Immunosorbent Assay
FAO :	Organisation des Nations Unies pour l'Agriculture et l'Alimentation
FKR :	Farako-Ba Riz
GRC :	Genetic Resources Center
IgG :	Immunoglobuline du groupe G
INERA :	Institut National de l'Environnement et de Recherches Agronomiques
IR :	INERA Riz
IRD :	Institut de Recherche pour le de Développement
IRRI :	International Rice Research Institute
ITAB :	Institut Technique de l'Agriculture Biologique
JAI :	Jours Après Inoculation
LMI :	Laboratoire Mixte International
MAbs :	Anticorps monoclonaux
MAFFAP-SPAAA :	Moniting Africa Food and Agricultural Polices – Suivi des politiques agricoles et alimentaires en Afrique

MAHRH :	Ministère de l'Agriculture, de l'Hydraulique et des Ressources Halieutiques
MASA :	Ministère de l'Agriculture et de la Sécurité Alimentaire
MEF/IAP :	Ministère de l'Economie et des Finances/Instrument Automatisé de Prévention
MMC :	Maximum Clade Credibility
M-MLV :	Moloney Murine Leukimia Virus
NERICA :	New Rice for Africa (Nouveau riz pour l'Afrique)
NPK :	Nitrogène-Phosphate-Potassium
ORF :	Open Reading Frames (cadre ouvert de lecture)
PANA :	Plan d'Action National pour l'Adaptation aux Changements climatiques
PBS-T :	Tampon Phosphate salin-Tween
PCR :	Polymerase Chain Reaction (Réaction de polymérisation en Chaîne)
PNPP :	Para-nitrophenyl phosphate
QTLs :	Quatitatives trait of Loci (Loci majeur)
RT :	Retro Transcription
RYMV :	Rice Yellow Mottle Virus
SIDA :	Syndrome d'Immunodéficience Acquise
SPAD :	Soil Plant Analytic Development
TOG :	Tropical Oryza Glaberrima
UV :	Ultra-Violet
VPg :	Protéine Virale liée au Génome
WARDA :	West Africa Rice Development Association

RESUME

La panachure jaune du riz apparait comme la maladie du riz la plus dévastatrice en Afrique de l'Ouest. Elle cause des pertes de production de 20 à 100 % et affecte tous les types de riziculture et la majorité des variétés lui sont sensible. Au cours de la présente étude, 32 échantillons viraux de RYMV dont 19 du Burkina Faso et 13 de la Côte d'Ivoire ont été collectés et caractérisés sur le plan moléculaire en séquençant la protéine de capsid (CP). Deux souches de RYMV ont ainsi pu être mises en évidence au Burkina Faso sur la base de la séquence de la protéine de capsid. Il s'agit de la souche sahélienne Sa et la souche S1 avec deux sous-groupes à savoir S1-Soudanienne et S1-Soudano-sahélienne/Sahélienne. En Côte d'Ivoire, une seule souche (S2) a été mise en évidence. Les implications en termes de gestion durable et de déploiement des variétés résistantes/tolérantes ont été discutées. Le comportement de quarante-deux variétés de riz vis-à-vis du RYMV a été évalué en utilisant deux isolats non contournant provenant de Bazon (R1) et de Dédougou (Z1) dans l'optique d'évaluer leur résistance/tolérance au RYMV. Trois (03) variétés de riz résistantes aux deux isolats ont pu être identifiées. En plus, deux (02) variétés présentent une résistance spécifiquement à l'isolat de Dédougou et une variété à celui de Bazon. Deux variétés ont été tolérantes aux deux isolats, une à R1 et une autre à Z1. Ces variétés pourront être mises à la disposition des producteurs pour la production ou utilisées dans un programme de sélection variétale. L'étude portant sur l'identification des hôtes potentiels du RYMV a consisté en des prospections et collectes d'échantillons de sol dans les localités de Bazon, Banfora, Karfiguéla et Vallée du Kou afin d'obtenir des graines d'adventices. Ces graines ont ensuite été semées dans des pots, les plantes issues de ces graines ont été inoculés avec des isolats provenant des localités de collecte. Les plantes inoculées ont été quotidiennement observées pour l'apparition des symptômes de RYMV et des échantillons de feuilles ont été soumis au test DAS-ELISA pour confirmation et détection d'infections asymptomatiques. Des inoculations retours ont été réalisées pour les adventices testées positives en ELISA. Quarante-cinq espèces dont 12 espèces de *Poaceae*, 7 espèces de *Cyperaceae* et 26 espèces de plantes à large feuille ont été inventoriés au cours de l'étude. Sept espèces, *Oryza longisaminata*, *Eragrostis cilianensis*, *Echinochloa colona*, *Cynodon dactylon*, *Cyperus difformis*, *Cyperus iria* et *Killinga tenuifolia* ont été identifiées comme hôtes du RYMV ce qui confirme l'étroitesse de la gamme d'hôte du RYMV. Ces résultats mettent en évidence le rôle que jouent les adventices dans le maintien et la dissémination du virus dans les plaines rizicoles.

Mots clés : RYMV, Burkina Faso, *Oryza sativa* L., CP, hôtes.

ABSTRACT

The rice yellow mottle disease appears to be the most devastating rice disease in West Africa. It causes production losses of 20 to 100% and affects all types of rice cultivation and the majority of the varieties are susceptible to it. In the present study, 32 viral samples from RYMV, 19 from Burkina Faso and 13 from Côte d'Ivoire, were collected and molecularly characterized by sequencing the capsid protein (CP). Two strains of RYMV could thus be demonstrated in Burkina Faso on the basis of the capsid protein sequence. These are the Sahelian strain Sa and the strain S1 with two subgroups S1-Sudanian and S1-Sudano-Sahelian/Sahelian. In Côte d'Ivoire, only one strain (S2) was found. The implications in terms of sustainable management and deployment of resistant/tolerant varieties were discussed. The behavior of forty-two rice varieties with respect to RYMV was evaluated using two non-bypassing isolates from Banzon (R1) and Dédougou (Z1) in order to evaluate their resistance/tolerance to RYMV. Three (03) varieties of rice resistant to the two isolates could be identified. In addition, two (02) varieties exhibit resistance specifically to the Dédougou isolate and a variety to that of Banzon. Two varieties were tolerant to both isolates, one to R1 and one to Z1. These varieties may be made available to producers for production or used in a breeding program. The study on the identification of potential hosts of RYMV consisted of surveys and soil sampling in the Banzon, Banfora, Karfiguela and Vallée du Kou localities in order to obtain weed seeds. These seeds were then sown in pots, the seedlings from these seeds were inoculated with isolates from collection locations. The inoculated plants were observed daily for the onset of RYMV symptoms and leaf samples were subjected to the DAS-ELISA test for confirmation and detection of asymptomatic infections. Return inoculations were carried out for weeds tested positive in ELISA. Forty-five species including 12 species of *Poaceae*, 7 species of *Cyperaceae* and 26 species of broad-leaved plants were inventoried during the study. Seven species, *Oryza longisaminata*, *Eragrostis cilianensis*, *Echinochloa colona*, *Cynodon dactylon*, *Cyperus difformis*, *Cyperus iria* and *Killinga tenuifolia* were identified as RYMV hosts, which confirms the narrowness of the RYMV host range. These results demonstrate the role of weeds in the maintenance and spread of the virus in the rice plains.

Key words: RYMV, Burkina Faso, *Oryza sativa* L., CP, hosts

INTRODUCTION GENERALE

Le riz est la deuxième céréale cultivée au monde après le blé et constitue une des principales productions (FAO, 2010). Base de l'alimentation de nombreux pays (près de 40% de la population mondiale), le riz revêt un double enjeu économique et social au regard de la commercialisation, de la sécurité alimentaire et de la lutte contre la pauvreté (Lacharme, 2001). Selon la FAO (2017), la production de paddy en 2016 était estimée à 753 millions de tonnes. Le continent asiatique assure à lui seul 92% de la production mondiale, suivi du continent américain (5%) et du continent africain (3%), la production européenne étant marginale (FAO, 2006).

Au Burkina Faso, le riz occupe la quatrième place parmi les céréales cultivées après le sorgho, le mil et le maïs ; tant du point de vue des superficies que de la production. La consommation annuelle du riz dépasse largement les 400 000 tonnes et s'accroît à un rythme de 5,6 % par an (MASA, 2013). Bien qu'extrêmement importante pour l'économie nationale et pour les familles, la riziculture reste dans son ensemble peu développée et la production nationale ne couvre que 58% de la demande nationale (DGPER, 2012). Le Burkina Faso fait donc recours à des importations massives chaque année pour satisfaire la demande sans cesse croissante. Selon MASA (2013), le pays importe chaque année 300 000 tonnes de riz d'une valeur estimée à 40 milliards de francs CFA pour la consommation locale. Cette situation s'explique par le fait que la culture du riz est soumise à de nombreuses contraintes parmi lesquelles les conditions climatiques défavorables, les oiseaux, les rongeurs, les adventices, les dégâts causés par les champignons, les insectes, les maladies bactériennes et virales. Parmi les maladies, la panachure jaune du riz est la plus dommageable au riz en Afrique en général et en Afrique de l'Ouest en particulier et occasionne des pertes de récolte allant de 20 à 100 % selon la variété de riz, la souche virale, le stade végétatif de la plante et l'environnement (Konaté et Fargette, 1997 ; N'Guessan *et al.*, 2001). Elle est causée par un virus appelé *Rice Yellow Mottle Virus* (RYMV) qui a été décrit pour la première fois par Bakker en 1966 au Kenya en Afrique de l'Est (Bakker, 1974).

Il affecte tous les types de riziculture et la majorité du germplasm du riz. qu'il soit Africain ou Asiatique, lui est sensible. Le contrôle de la maladie repose presque exclusivement sur l'utilisation de la résistance variétale. Elle n'exige aucun coût additionnel autre que celle des graines des génotypes résistants et elle est écologiquement sûr (Mew, 1991) et contrairement aux autres technologies de gestion de la maladie, elle peut être facilement adoptée par les producteurs (Traoré, 2013). Des efforts considérables ont été déployés par les scientifiques pour identifier et/ou développer par croisement et pyramidage des variétés résistantes/tolérantes afin

de lutter efficacement contre cette maladie (Sorho, 2005). Malheureusement, malgré ces efforts, force est de reconnaître que la maladie de la panachure jaune du riz demeure une contrainte majeure à la production de riz en Afrique en général et en Afrique de l'Ouest en particulier. Plusieurs facteurs expliqueraient cet état de fait notamment la forte pollution des insectes vecteurs et l'action de l'homme lui-même. Le RYMV étant transmissible mécaniquement, plusieurs méthodes culturales associées à l'intensification de la riziculture, en l'occurrence la double culture du riz, le système de pépinière, et l'homme lui-même ont été rapportés comme des facteurs favorisant l'installation et la dissémination du virus (Sara *et al.*, 2003 ; Sara *et al.*, 2004). Même si des éclairages ont été certes apportés, aujourd'hui encore des lacunes subsistent quant aux connaissances sur l'importance des modes de transmission et de propagation du virus au champ. Aussi, les connaissances sur la diversité et la répartition de ce virus restent encore fragmentaires aussi bien au Burkina Faso qu'en Côte d'Ivoire ce qui ne favorise pas la recherche de méthodes de gestion durable ni la compréhension de l'apparition des épidémies. Par ailleurs, le rôle des adventices sauvages comme source d'inoculum primaire a été rapporté par plusieurs auteurs (Banwo *et al.*, 2003 ; Traoré *et al.* 2007). Toutefois, les hôtes naturels du RYMV sont peu connus et se limitent aux variétés de riz cultivées, quelques riz sauvages et très peu de *Poaceae* sauvages (Banwo *et al.*, 2003). Cette situation pourrait s'expliquer non seulement par la difficile identification du fait de l'existence d'infections asymptomatiques (Bakker, 1974) mais également par la méthode elle-même qui consiste à réaliser des prospections et à collecter des échantillons sur la base des symptômes.

C'est dans ce contexte que la présente étude dont le thème est « Le virus de la panachure jaune du riz (RYMV) en Afrique de l'Ouest : caractérisation moléculaire des souches, identification de sources de résistance et détermination des aspects épidémiologiques du virus » a été initiée. Les objectifs de cette étude visent à (i) étudier la diversité et la répartition géographique d'isolats de RYMV au Burkina Faso et en Côte d'Ivoire, (ii) identifier des sources de résistance/tolérance de riz au virus de la panachure jaune du riz au Burkina Faso et (iii) identifier des hôtes potentiels de RYMV à travers l'inventaire des adventices et l'identification des hôtes expérimentaux.

Dans ce mémoire nous aurons tout d'abord une première partie portant sur la synthèse bibliographique. Ensuite une seconde partie consacrée à la description du matériel et méthodes. Et enfin une troisième partie sur les résultats et la discussion.

PREMIERE PARTIE-
REVUE
BIBLIOGRAPHIQUE

Chapitre 1 : Généralités sur le riz

I. Connaissances générales sur la plante

1.1. Taxonomie du riz

Le riz est une céréale de la famille des *Poaceae* (anciennement graminées), cultivée dans les régions tropicales, subtropicales et tempérées chaudes pour son fruit, ou caryopse, riche en amidon (Cirad-Gret, 2005). Il appartient à la tribu des *Oryzaceae* qui regroupe un nombre de genres variable selon les classifications compris entre 7 et 16 (Second, 1985). De nombreuses classifications de ces espèces en complexes, en tribus, et en séries ont été réalisées et elles se recoupent plus ou moins les unes les autres. Mais elles sont toutes basées sur l'organisation du génome notamment la ploïdie et le niveau d'homologie des génomes (Vaughan *et al.*, 2003 citer par Radanielina, 2010).

Le genre *Oryza* comprend 24 espèces dont deux seulement sont cultivées (Berruye, 2003). L'une d'origine africaine, *Oryza glaberrima* est cantonnée presque uniquement en Afrique de l'Ouest ; l'autre d'origine asiatique, *Oryza sativa* est présente aujourd'hui sur les cinq continents. Les deux espèces sont diploïdes ($2n = 24$) et autogames (Cirad-Gret, 2005).

1.2. Origine et domestication du riz

Les espèces de riz cultivées appartiennent au genre *Oryza* et seraient toutes dérivées d'un ancêtre commun qui auraient existé sur le Gondwana à l'époque où les continents étaient unis (Chang, 1976 ; Khush, 1997). Les traces archéologiques de la domestication du riz remontent à 8000 ans av JC dans la partie médiane de la vallée du fleuve Yangzi (Sweeney and McCouch, 2007). L'espèce *Oryza sativa* a été domestiquée à partir d'*Oryza rufipogon*, espèce complexe incluant la forme pérenne et la forme annuelle anciennement nommée *Oryza nivara*.

Au moins deux domestications indépendantes de l'espèce *O. sativa* auraient eu lieu en Inde et en Chine il y'a 8000 à 10000 ans (Second, 1985). Cette espèce regroupe les variétés les plus cultivées à Madagascar et dans la plupart des zones rizicoles du monde. Les navigateurs Malais l'on introduite à Madagascar vers le IVème siècle environ. Par la suite *O. sativa* s'est diversifiée pour donner les sous espèces *O. indica* et *O. japonica* (Glazmann, 1987). Parallèlement à *O. sativa*, *O. glaberrima* est issu de la domestication de l'espèce *O. breviligulata* (Bezanço *et al.*, 1989), elle-même issue de l'espèce pérenne à rhizome *O. longistaminata* dans le Delta du Niger. En effet, des analyses électrophorétiques des formes moléculaires d'enzymes et de biologie moléculaire en utilisant des marqueurs d'ADN ont été

effectuées par G. Second et J. Doebley ont été réalisées. Et ces résultats ont confirmé la validité des propositions de Ogbe et collaborateurs qui avaient démontrés une origine indépendante de *O. glaberrima* à partir de l'évolution de l'espèce spontanée locale *O. breviligulata*. Ces analyses ont été suivies de rétro croisements impliquant d'autres espèces indigènes telles que *O. longistaminata* et *O. punctata* (Second, 1985). La figure 1 ci-dessous résume l'origine et le processus de diversification du riz depuis l'époque du Gondwana.

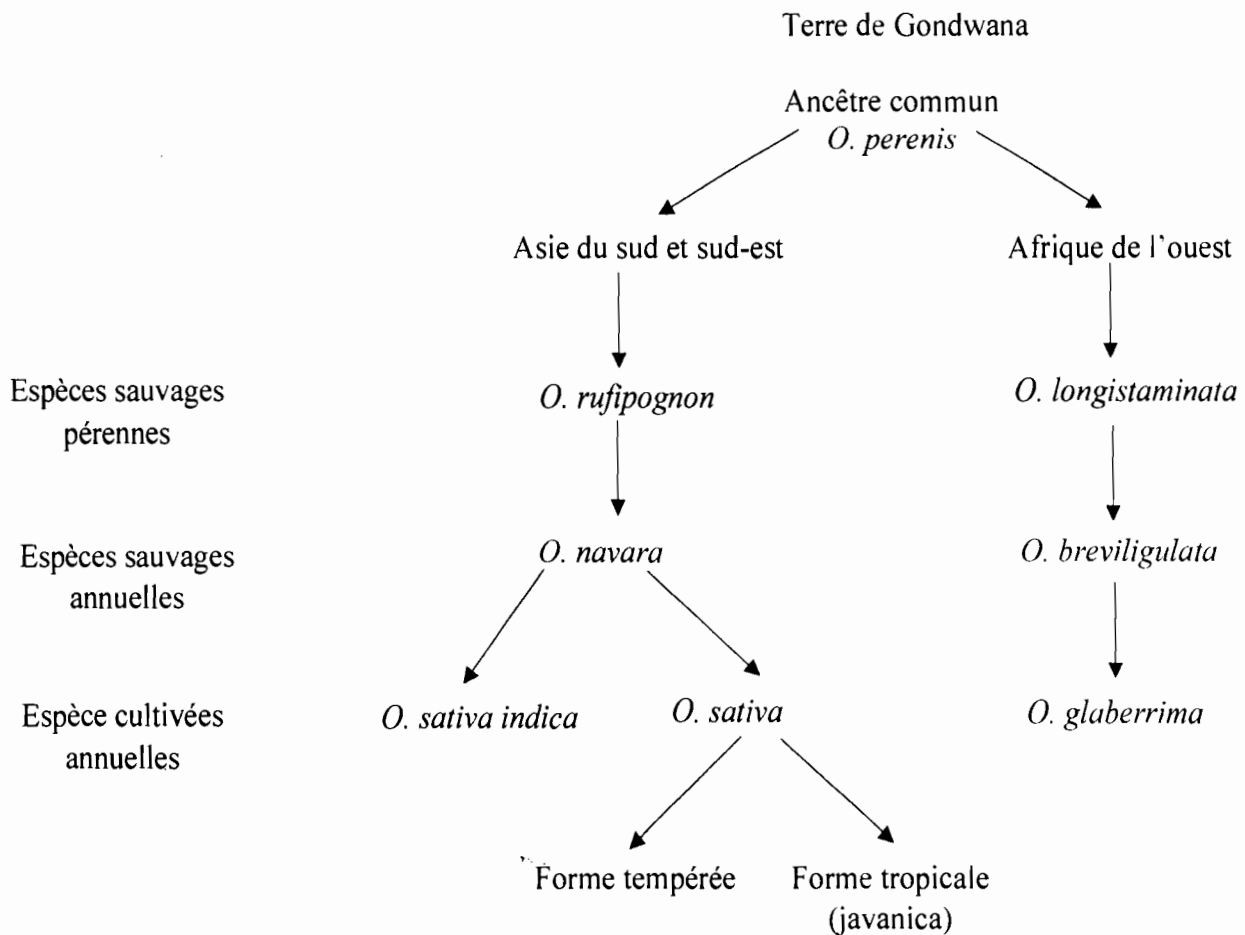


Figure 1 : Origine et diversification du Riz

Source : Khush, 1997

1.3. Morphologie et développement de la plante

1.3.1. Morphologie

La plante de riz comprend des organes végétatifs constitués des racines, des tiges et des feuilles et des organes reproducteurs à savoir la panicule constituée d'un ensemble d'épillets (Figure 2) (Wopereis *et al.*, 2008a). Les racines sont minces, fourrées et peu profond (Sié, 1991).

Les tiges sont épaisses et creuses d'où leur nom de chaumes et possèdent des épaississements ou nœuds sur lesquels s'insèrent les feuilles. Le nombre des feuilles est un caractère variétal. Les feuilles sont dépourvues de pétiole et enveloppent la tige à leur base par une gaine prolongée par le limbe dont les dimensions, la couleur et la pilosité varie en fonction des variétés. La feuille qui émerge après toutes les autres, juste sous la panicule est appelée feuille paniculaire ou drapeau. L'articulation gaine-limbe présente 2 appendices ; la ligule et l'auricule.

L'inflorescence est une panicule qui est une sorte de grappe composée d'épillets et est portée par le dernier entre-nœud du chaume. Chaque épillet porte des glumes à la partie inférieure. Le grain est constitué de l'ovaire fécondé, des glumes et glumelles, du rachis, des glumes stériles et éventuellement de la barbe. L'embryon est fusionné avec l'endosperme (Sié, 1997).

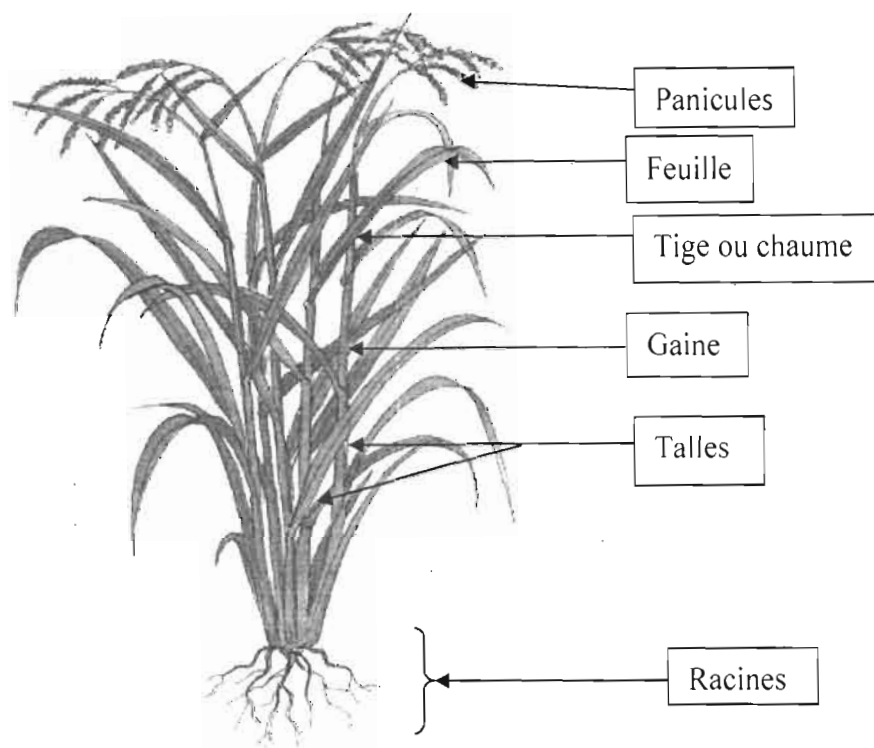


Figure 2 : Plante de riz montrant sa morphologie

Source : ADRAO (2009)

1.3.2. Développement de la plante

En général la croissance et le développement du riz se déroulent de façon simultanée et sont affectés par les facteurs environnementaux et génétiques (Sié, 1997). C'est une plante autogame dont le développement comprend trois phases : végétative, reproductive et maturation (Moukoumbi, 2012).

La phase végétative est celle durant laquelle la plante traverse les stades de développement suivants : germination-émergence, plantule, tallage et élongation des entrenœuds (selon le type de variétés) (Wopereis *et al.*, 2008a). D'une durée de 45 à 60 jours la phase végétative est variable et est fonction des variétés (Lacharme, 2001).

La phase reproductive comporte les stades d'initiation paniculaire, de montaison et d'épiaison. Elle est caractérisée par la naissance de la panicule et le développement des épillets et des organes reproducteurs. Elle a une durée relativement fixe comprise entre 30 et 35 jours, quelles que soient la variété et la saison (Wopereis *et al.*, 2008a).

Quant à la phase de maturation, après la pollinisation et la fécondation, l'ovaire commence à se gonfler et à se développer. Des grains riches en amidon se forment, d'abord liquides puis pâteux, ils finissent par se durcir (Lacharme, 2001). Cette phase dure 30 à 45 jours selon les conditions de température et d'humidité du milieu (Sié *et al.*, 2009).

1.4. Exigences écologiques du riz

La culture du riz se prête à une large gamme de sol (Doorenbos et Kassam, 1980). Mais elle préfère les sols lourds dans lesquels les pertes d'eau par percolation sont faibles. Le riz possède également une bonne tolérance à l'acidité avec un pH optimal de 5,5 à 6 (Lacharme, 2001), mais peut supporter des pH de 4 à 8 (Cirad-Gret, 2005).

Le riz est une plante d'origine aquatique et assez exigeante en eau par rapport à d'autres céréales car elle est caractérisée par une grande plasticité vis-à-vis de ses conditions hydriques (Moukoubi, 2012). Par conséquent, en culture sèche il faut 160 à 300 mm par mois pendant toute la durée du cycle, soit 1000 à 1800 mm. La phase d'initiation paniculaire est particulièrement sensible (Cirad-Gret, 2005).

Le besoin en température varie selon les variétés et aussi suivant les phases végétatives de la plante. En culture aquatique, la température de l'eau joue un rôle important pour la plante. En générale, le minimum est de 13-14°C, l'optimum de 30-34°C et le maximum de 38-40°C. À 50°C la plante meurt.

Le riz est une plante exigeante en lumière. Les rendements les plus élevés sont obtenus sous forte luminosité (400 cal/jour/cm²). Le vent léger a un effet favorable car il accélère la transpiration. Cependant le vent fort peut arracher les jeunes plants ou provoquer la verse et l'échaudage à maturité (Cirad-Gret, 2005).

II. Riz et riziculture au Burkina Faso

2.1. Types de riziculture

2.1.1. Riziculture pluviale

La riziculture pluviale est pratiquée sur plus de 7500 ha (16% des superficies), en grande partie dans les régions des Hauts-Bassins, des Cascades, du Sud-Ouest, du Centre-Sud et une partie du Mouhoun, du Centre-Ouest, du Centre-Est et de l'Est (Ouédraogo *et al.*, 2005 ; Sangaré, 2011). Elle est largement tributaire de la pluviométrie et de sa répartition dans le temps (Kaboré, 2007 ; Sangaré, 2011).

2.1.2. Riziculture de Bas fond

C'est une riziculture pratiquée dans les bas-fonds (Sié, 1999). Il existe trois types de bas-fonds selon leur niveau d'aménagement (Kaboré, 2007). Il s'agit des basfonds traditionnels, des bas-fonds à aménagements simples et des bas-fonds améliorés. Cette riziculture occupe 61% des superficies cultivées et assure 45% de la production du pays. Cependant, la mauvaise répartition spatio-temporelle des pluies et la forte pression parasitaire notamment la pyriculariose et la virose contraignent les populations rurales à abandonner progressivement certains bas-fonds (Sié, 1999).

2.1.3. Riziculture irriguée

Elle a été introduite au Burkina Faso depuis les années 1960. Elle constitue le mode le plus performant de production de riz dans le pays (rendement de 4 à 5 tonnes/ha), notamment en raison de la maîtrise totale de l'eau permettant la double campagne annuelle (Ouédraogo *et al.*, 2005). Toutefois, elle demeure handicapée par son fort coût d'investissement. En effet, le coût d'aménagement d'un hectare atteint les 7 à 10 millions de FCFA sans compter les charges récurrentes (Kaboré, 2007). Le tableau I montre l'importance des types de riziculture au Burkina Faso.

Tableau I : Importance des types de riziculture au Burkina Faso

Types de riziculture	Production		Superficies		Rendements
	Tonnes	%	Hectares	%	T/ha
Pluvial	9,020	9	7,517	16	1,2
Bas-fond	42,718	45	29,353	61	1,2-2,2
Irrigué	44,056	46	10,885	23	3,8-4,5
Total	95,974	100	47,755	100	---

Source : MAHRH (2006)

2.2. Diversité génétique du riz

La diversité génétique est par définition une variation héritée au sein et entre les populations, créée, activée et maintenue par des forces évolutives ou sélectives (Demol *et al.*, 2002). Ainsi, La diversité génétique du riz est considérable avec plus de 150 000 variétés cultivées dans le monde et 107 000 accessions environ dans la banque de gène de l'International Rice Research Institute (IRRI) (dont 5 000 accessions d'espèces sauvages). Cette diversité provient de croisements naturels de *O. sativa* avec des formes sauvages ou d'adventices de *O. rufipogon* ou de croisement intra-*sativa* combiné à la sélection naturelle et humaine depuis la domestication (Khush, 1987). Elle se distingue à travers ses deux espèces cultivées qui se différencient par un caractère morphologique essentiel. En effet, *O. sativa* présente une très grande diversité de forme avec plus de 100 000 cultivars répertoriés dans la collection mondiale dont 65 000 sont gérés par le Genetic Resources Center (GRC) au sein de l'IRRI. Cependant, des études enzymatiques ont montré que l'espèce *O. gaberrima* présente une moindre diversité génétique avec moins de polymorphisme que chez *O. sativa* (Berruye, 2003). La structuration de cette diversité intra-spécifique est très forte et particulière. Sa compréhension a permis un progrès certain dans la définition de stratégies raisonnées d'amélioration génétique du riz.

2.3. Importance alimentaire et économique du riz

Les cultures de riz couvrent environ 150 millions d'hectares, soit plus du dixième de l'ensemble des surfaces cultivées. L'essentiel de ces surfaces (132 sur 150 millions d'hectares) se situe dans les zones humides tropicales et subtropicales soumises au régime de la mousson (DGPER, 2011). La quantité de riz paddy produite en 2013 étaient estimée à 753 millions de tonnes (FAO, 2017). En Afrique, les principales régions productrices sont l'Afrique de l'Ouest

et l'Afrique de l'Est qui assurent près de 95% de la production rizicole (Sié *et al.*, 2008). L'activité rizicole emploie plus de 20 millions de paysans et constitue le moyen d'existence pour plus de 100 millions de personnes (Balasubramanian *et al.*, 2007). En Afrique Sub-saharienne la consommation a été évaluée à 8 kg/personne/an pour la période de 2001 à 2005 (WARDA, 2007). En 2006, l'espace CEDEAO a importé environ 7,2 millions de tonnes de riz, représentant le 1/3 des importations mondiales. Elles ont coûté à la sous-région environ 1,7 milliards de dollars soit près de 765 milliards de FCFA (FAO, 2013).

Le riz est une matière première alimentaire qui nourrit principalement les pays du sud. C'est l'aliment de base dans 17 pays d'Asie et du Pacifique, 9 pays d'Amérique du Sud et du Nord et 8 pays d'Afrique (FAO, 2009). Il fournit 20% des besoins énergétiques de l'alimentation mondiale, alors que le blé en fournit 19% et le maïs 5%. En outre, le riz n'est pas seulement une source importante d'énergie alimentaire, il est aussi une source de thiamine, de riboflavine et de niacine. Le riz complet contient un volume important de fibre. Le profil des acides aminés du riz indique un niveau élevé d'acide glutamique et aspartique, alors que l'acide aminé limitant est la lysine. Cependant, Le riz ne peut pas fournir l'ensemble des nutriments nécessaires à une bonne alimentation (FAO, 2004)

Le Burkina Faso, contrairement aux autres pays de l'Afrique de l'Ouest présente une consommation du riz en constante augmentation. En effet, la consommation annuelle par tête connaît un accroissement rapide. Elle est passée de 4,5 kg en 1960, à 14,8 kg en 1992 et à 18,1 kg en 2000. De nos jours, elle atteint 50 kg en milieu urbain (Ouagadougou et Bobo-Dioulasso). Pourtant, la production nationale de riz ne couvre à peine que 47% des besoins de la population. Les importations ayant presque triplées en l'espace de 10 ans. De ce fait, l'augmentation de la production nationale du riz est un enjeu stratégique pour le Gouvernement au regard des mesures spécifiques prises ces dernières années et l'importance des projets et programmes s'exécutant dans la riziculture (DGPER, 2011). La figure 3 ci-dessous indique l'évolution des superficies, de la production et des rendements de riz au Burkina Faso entre 2005 et 2011.

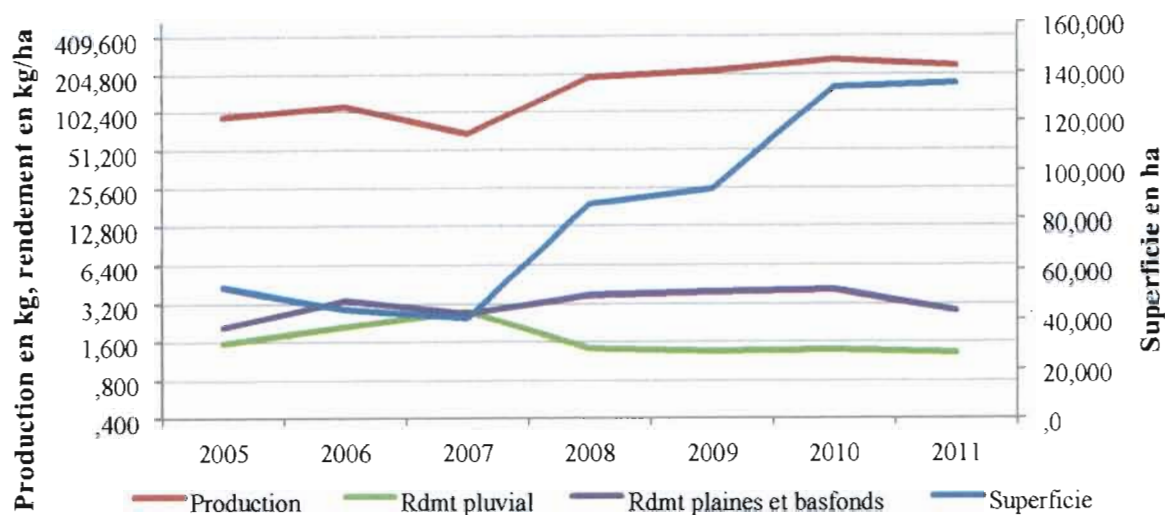


Figure 3 : Evolution des superficies, des productions (kg) et des rendements (kg/ha) de riz au Burkina Faso de 2005 à 2011

Source : MAFFAP-SPAAA (2012)

2.4. Contraintes de la riziculture

2.4.1. Contraintes abiotiques

Le climat du Burkina Faso est caractérisé par une longue saison sèche (7 à 9 mois) et une courte saison humide (3 à 5 mois). La mauvaise répartition spacio-temporelle de la pluviométrie et la baisse tendancielle de celle-ci ont eu pour conséquence soit l'abandon progressif de certains basfonds traditionnels jadis emblavés en riz soit par le remplacement du riz par d'autres cultures moins exigeantes en eau (Nacro, 1994). Cette contrainte se ressent surtout au niveau de la riziculture pluviale et de la riziculture de bas fond (Nacro, 1987). Les sols des rizières sont pour la plupart pauvres en matière organique (Nacro, 1994).

Le coût de revient toujours élevé des aménagements hydroagricoles limitent fortement les efforts que le gouvernement a entrepris dans ce domaine (Nacro, 1987). En effet, il varie entre 7 et 10 millions de FCFA à l'hectare en maîtrise totale, selon la taille et les caractéristiques des sites et des systèmes de mobilisation de l'eau. Pour les bas-fonds simple et amélioré il est respectivement de l'ordre de 1,5 millions de FCFA, et de 3 à 4 millions de FCFA/ha. En dehors de la riziculture avec maîtrise totale de l'eau, les autres types de rizicultures se caractérisent par un faible niveau d'utilisation des intrants agricoles en dessous de celle préconisée par la vulgarisation (Nacro, 1987).

2.4.2. Contraintes biotiques

La production rizicole est confrontée à diverses difficultés liées principalement aux maladies, insectes, nématodes et adventices qui entravent à son développement. Les maladies constituent l'une des principales contraintes biotiques de la production du riz en Afrique et dans les autres continents. Elles sont causées pour la plupart par des champignons, des bactéries ou des virus et se manifestent par un rabougrissement, un changement de couleur, un flétrissement, et/ou un développement anormal de certains organes (Wopereis *et al.*, 2008b).

Parmi les maladies fongiques, la pyriculariose demeure la plus importante affection (Pande, 1997) présentant une grande incidence économique sur le riz en Afrique et particulièrement au Burkina Faso (Sy et Séré, 1996). Elle affecte tous les organes de la plante (feuille, rachis de la panicule, nœud de la tige, grain, etc).

Le flétrissement bactérien (ou maladie des raies bactériennes) causée par *Xanthmonas oryzae* pv. *oryzae* est la troisième maladie majeure du riz en Afrique de l'Ouest, après la pyriculariose et la maladie de la panachure jaune. Elle est confinée dans les zones du Sahel (Mali, Sénégal, Niger, etc.).

Quant aux maladies virales, la marbrure jaune (ou panachure ou encore mosaïque) est la seule maladie signalée en Afrique et dont l'importance s'est considérablement accrue ces dernières années (Coulibaly, 1999). Découverte en 1966 au Kenya autour du lac Victoria par Bakker, cette maladie s'est répandue de façon prodigieuse dans presque tous les pays africains où se pratique la culture du riz (Bal, 2002).

Chapitre 2 : Panachure jaune du riz et adventices hôtes

I. Généralités sur les maladies virales du riz

Les virus sont des parasites acellulaires ayant un génome polynucléotidique qui code au moins pour une protéine impliquée dans sa réplication et qui, une fois dans la cellule hôte, peut induire sa propre multiplication (Astier *et al.*, 2001). Le riz est une plante sensible aux maladies virales et plusieurs virus sont capables de l'infecter (Coulibaly, 1999). On dénombre une quinzaine de maladies virales du riz dans le monde (Tableau II), appartenant à cinq familles distinctes (Siré et Brugidou, 2002). Leur répartition se limite généralement à un continent et la plupart d'elles sont présentes en Asie.

Le tungro représente la principale maladie virale affectant le riz en Asie. Il est causé par deux virus distinctes : le *Rice tungro bacilliform virus* (RTBV) et le *Rice tungro spherical virus* (RTSV) appartenant respectivement à la famille des *Caulimoviridae* et à celle des *Sequiviridae*. Le principal virus du riz en Amérique latine est le *Rice hoja blanca virus* (RHBV) de la famille des *Sequiviridae*. En Afrique et plus particulièrement au Burkina Faso, c'est la maladie de la panachure jaune du riz qui est la principale maladie virale du riz causant les dommages les plus importants dans les périmètres rizicoles. La transmission des virus responsables de ses affections est principalement assurée par des insectes vecteurs (Pidon, 2016).

Tableau II : Principaux virus infectant le riz dans le monde

Virus	Acronyme	Genre	Famille	Distribution géographique
<i>Barley yellow dwarf virus</i>	BYDV	Luteovirus	Luteoviridae	Europe (Italie)
<i>Rice black-streak dwarf virus</i>	RBSDV	Fijivirus	Reoviridae	Asie (Chine et Japon)
<i>Rice bunchy stunt virus</i>	RBSV	Non classé	Non classé	Asie
<i>Rice dwarf virus</i>	RDV	Phytoreovirus	Reoviridae	Asie
<i>Rice gall dwarf virus</i>	RGDV	Phytoreovirus	Reoviridae	Asie du sud-est
<i>Rice grassy stunt virus</i>	RGSV	Tenuivirus	Non classé	Asie
<i>Rice hoja blanca virus</i>	RHBV	Tenuivirus	Non classé	Amérique Latine
<i>Rice necrosis mosaic virus</i>	RNMV	Bymovirus*	Non classé	Asie (Inde et Japon)
<i>Rice ragged stunt virus</i>	RRSV	Oryzavirus	Reoviridae	Asie
<i>Rice stripe necrosis virus</i>	RSNV	Benyvirus	Non classé	Afrique et Amérique Latine
<i>Rice stripe virus</i>	RSV	Tenuivirus	Non classé	Asie du nord
<i>Rice transitory yellowing virus</i>	RTYV	Non classé	Rhabdoviridae	Asie
<i>Rice tungro bacilliform virus</i>	RTBV	RTBV-like viruses	Caulimoviridae	Asie
<i>Rice tungro spherical virus</i>	RTSV	Waikavirus	Sequiviridae	Asie
<i>Rice yellow mottle virus</i>	RYMV	Sobemovirus	Non classé	Afrique

*Provisoire Source : Traoré (2005)

II. Maladie de la panachure jaune du riz

2.1. Description et répartition de la maladie

La maladie de la panachure jaune du riz est la principale affection causant des dommages importants sur le riz en Afrique (pertes de récolte allant de 20 à 100%). Elle est causée par le virus de la panachure du riz aussi connu sous l'appellation anglaise *Rice Yellow Mottle Virus* (RYMV). Elle se trouve confiné au seul continent Africain (Figure 4) (Traoré *et al.*, 2008b). La maladie a été décrite pour la première fois au Kenya le long des rives du lac Victoria (Bakker, 1974). Elle s'est par la suite étendue à l'ensemble du continent africain lors de l'intensification de la riziculture (Traore *et al.*, 2001). En effet, le changement du système de culture avec l'introduction de nouvelles variétés performantes mais sensibles provenant d'Asie (*Oryza sativa*) et les nouvelles techniques culturales font des plaines humides d'Afrique un écosystème favorable au développement de nombreuses maladies, dont la panachure jaune du riz (Lett, 1997).

En Afrique de l'Ouest, le virus a été observé au Niger et en Sierra Leone où on l'appela "*Pale Yellow Mottle Virus*" (Raymundo et Konteh, 1980), en Côte d'Ivoire (Fauquet et Thouvenel, 1977), en Guinée Bissau et au Ghana (Raymundo et Konteh, 1980). Sa présence a été signalée dans d'autres pays comme la Tanzanie, le Liberia (Rossel *et al.*, 1982), le Malawi, le Niger, le Burkina Faso et le Mali (John *et al.*, 1984). Au Burkina Faso, les premiers symptômes panachure jaune chez le riz ont été observés au cours de la saison pluvieuse de 1981. Mais l'origine parasitaire n'a été reconnue par Thouvenel sur communication personnelle (Ouédraogo et Séré, 1996) que quelques années après. En Afrique centrale, sa présence n'a été confirmée qu'au Cameroun et au Tchad (Traoré *et al.*, 2001).

Récemment, la maladie a été signalée au Rwanda en 2011 (Ndikumana, 2011), au Burundi en 2012 (Ndikumana, 2012), au Congo en 2013 (Hubert *et al.*, 2013) et en Centrafrique en 2014 (Longue *et al.*, 2014). Il est vraisemblable que la maladie sévit dans d'autres pays d'Afrique du centre mais que les prospections n'aient pas été réalisées.

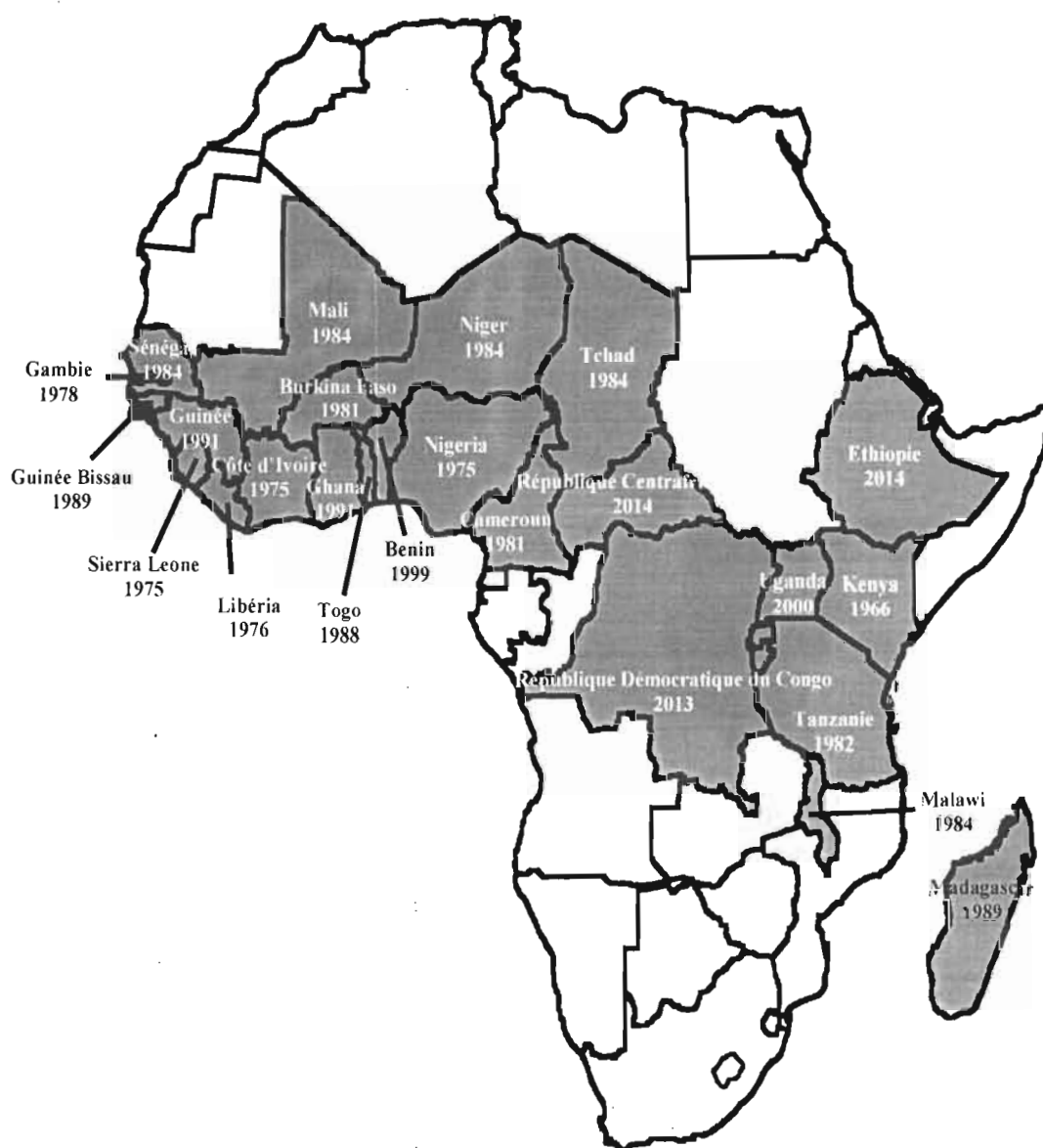


Figure 4 : Distribution de la panachure jaune du riz en Afrique. Les pays où le virus a été isolé apparaissent en orange

Source : OUATTARA (2017)

2.2. Symptômes de la panachure jaune du riz

La maladie se manifeste par des symptômes caractéristiques sur une plante de riz. Il s'agit de la chlorose des feuilles, du rabougrissement, de la réduction de l'exsertion paniculaire, et de la stérilité des panicules (Figure 5) (Sarra, 2005). En effet, approximativement 1 à 2 semaines après inoculation (Baker, 1974), la maladie se traduit par un changement de couleur générale des feuilles qui présente des panachures chlorotiques vertes claires lorsqu'elles sont jeunes, et jaunes lorsqu'elles sont plus âgées (Fomba, 1988). Avec le temps, ces tâches se prolongent parallèlement à la veine, et plus tard elles deviennent chinées et souvent en spirale tordues (Bakker, 1974) et à des intensités variables selon le génotype. Il pourrait être confondu

avec l'insuffisance de fer ou d'azote (Thottappilly et Rossel, 1993) aussi bien que les dommages par la toxicité de fer. Les feuilles de riz infectées par le RYMV présentent généralement des pertes en chlorophylle dues au virus (Soko *et al.*, 2010, 2016). Par la suite, elle entraîne l'arrêt de la croissance des plantes infectées avec le rétrécissement des feuilles naissantes et de l'apparition inachevée de la panicule avec plus tard les grains stériles ou non remplis (Fomba, 1988). Lors d'une attaque précoce on observe un rabougrissement de la plante (Figure 5B) pouvant parfois provoquer sa mort (Fauquet et Thouvelen, 1987). Les symptômes provoqués varient selon la variété, la souche de virus, le stade de développement et l'environnement (N°Guessan *et al.*, 2001). Au champ, la maladie se présente sous forme des plages jaunes ou nécrotiques formées par les plantes infectées (Figure 5C).

Toutefois, ces symptômes ne sont pas toujours des indicateurs du RYMV et les chercheurs ont besoin d'un test simple pour déterminer la présence du virus dans les tissus de la plante (ADRAO, 2000).



A : divers types sur feuilles de riz

B : plants malades rabougris (gauche) et plants sains (droite)

Figure 5 : Symptômes de la panachure jaune du riz

Source : Traoré *et al.* (2008c)

2.3. Mode de Transmission

Le RYMV est facilement transmis au laboratoire par inoculation mécanique qui consiste à frotter les feuilles d'une plante saine avec un broyat de feuilles d'une plante malade (Bakker 1970). En condition naturelles, environ une vingtaine d'espèces d'insectes dont les pièces buccales sont de type broyeur (Reckhaus et Randrianangaly, 1990) sont capables de transmettre le RYMV. Il s'agit pour la plupart de coléoptères et aussi de quelques orthoptères. Les espèces

les plus citées pour la transmission au champ sont *Chatocnema* spp., *Sesselia pussila* et *Trichispa sericea*. D'autres espèces telles que *Conocephalus merumontanus*, *Di cladispa viridicyanea* également ont été signalé comme vecteur du RYMV. Leur transmission se produit quand la culture est jeune et particulièrement sensible au virus (Banwo *et al.*, 2004). Mais l'importance de ces vecteurs dans l'épidémiologie de la maladie n'a pas été démontrée.

Plusieurs animaux sont capables de transmettre le RYMV en s'alimentant sur les plants de riz (Figure 6) (Sarra et Peters, 2003). Il s'agit des rats, fréquents dans les rizières et des animaux domestiques comme les bœufs et les ânes utilisés dans les travaux au champ ou qui cherchent du pâturage (Sara *et al.*, 2004). Par contre le virus ne se transmet pas par le fumier de parc. En outre, le RYMV n'a pas été démontré comme étant transmise par la graine. Il a été détecté dans toutes les pièces infectées des graines (glumelle, endosperme, et embryon), mais son infectiosité diminue durant tout le processus de formation de la graine (Konaté *et al.*, 2001).

La transmission abiotique de RYMV a été fortement suspectée mais doit être encore démontrée car, le vent qui souffle soulève la poussière de sable fin et provoque le frottement des plants de riz entre eux. Avec ce frottement, le RYMV peut être transmis à partir de plants malades. Cette transmission est accentuée sous l'effet des grains de sable qui causent des blessures aux feuilles de riz facilitant ainsi le passage du virus (Sarra *et al.*, 2004). Aussi, on suspecte fortement le rôle des hommes dans la transmission mécanique de RYMV, principalement pendant les opérations d'emblavage telles que la transplantation, l'application d'engrais, l'irrigation, moissonnant, etc... (Abo, 1998). En effet, l'action de déraciner les plants et de les transplanter provoque inévitablement des dommages sur les racines. S'il y a un virus dans le champ où le riz est transplanté, il peut facilement pénétrer le plant par les racines endommagées (Figure 6) (ADRAO, 2000). D'autres prétentions se dirigent au contact entre les instruments et les plantes de riz agricoles infectés, entre les mains et les plantes de riz souillées et entre les plantes saines et malades sous l'effet du vent, des hommes, ou des animaux (Abo, 1998).

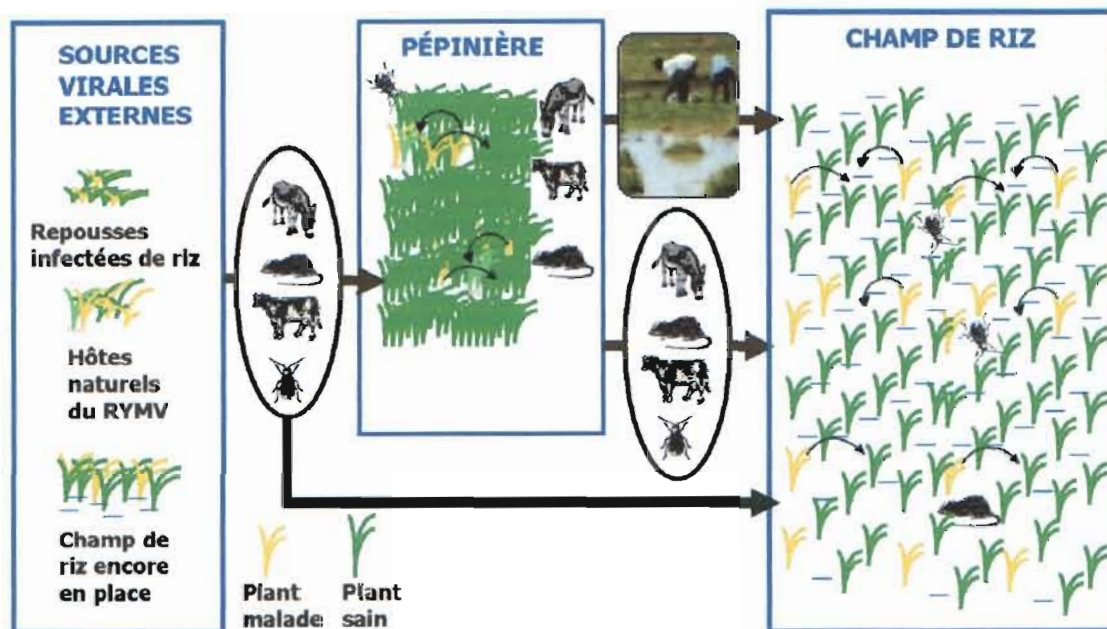


Figure 6 : Action conjuguée des différents modes de transmission du RYMV dans la propagation de la panachure jaune du riz

Source : Traoré *et al.* (2008b)

2.4. Importance économique

La panachure jaune du riz touche aujourd'hui la plupart de pays africains producteurs de riz. Dans les années 1980, de grandes phases épidémiques se sont matérialisées par des surfaces de cultures touchées par la maladie très importantes (Pidon, 2016). Elles sont attribuée à la culture de nouvelles variétés exotiques de riz fortement sensible la plupart du temps venues d'Asie, des nouvelles techniques culturales (irrigation, accroissement des surfaces, monoculture, augmentation de la densité des semis et du nombre de cycle culturale) et du maintien séquentiels d'une intensité plus élevée de récolte (Lett, 1997). En effet, les pertes provoquées par le RYMV dans des rizières ont atteint des proportions alarmantes et quelques fermiers ont souffert de la perte de récolte complète (Yaboue, 1989). Des pertes de rendement de 60-90% ont été rapportées au Niger (Issaka *et al.*, 2012), de 54-97% en Sierra Leone (Taylor, 1989), de 20-45% au Burkina Faso (Sere, 1991), de 25-80% en Côte d'Ivoire (Amancho *et al.*, 2008) et de 64-100% au Mali (Sy *et al.*, 1993). Aussi, il a été montré par des travaux en Afrique de l'Ouest qu'il était possible de provoquer une épidémie en repiquant une pépinière où seulement 2,5% de plantules étaient infectés.

3.2. Organisation génomique

L'organisation génomique de RYMV a été déterminée par Ngon *et al.* (1994). L'ARN non polyadénylé, de polarité positive est liée de façon non covalente par son extrémité 5' à une protéine (VPg) et l'extrémité 3' n'est pas poly (A). Son génome composé de 4450 nucléotides constitués en cinq cadres ouverts de lecture (ORF) est compact et la plupart des ORF se chevauchent (Figure 8) (Bonneau *et al.*, 1998). L'ORF1 a une taille de 17,7 kDa. Il code pour une protéine P1 qui est impliqué dans le mouvement du virus. En outre, P1 est exigé pour l'infection de la plante et la réplique du virus (Bonneau *et al.*, 1998). D'après Sérémé (2010), cette protéine peut être utilisée pour la production de protéine vaccinale dans les plantes.

Par homologie de séquence avec le SBMV, la polyprotéine ORF2 de 110 kDa se divise par protéolyse pour donner l'ORF2a et l'ORF2b. L'ORF2a donnerait après clivage, une protéine VPg et une protéase à sérine. La VPg joue un rôle dans la virulence et est impliquée dans le contournement de la résistance. L'ORF2b code pour une ARN polymérase ARN-dépendante (Lett, 1997). Il a été montré à l'aide de mutations introduites au sein de l'ORF3 (ou ORF4) (Konaté et Fargette, 1997 ; Lett, 1997) codant la protéine de capsid, qu'elle interviendrait dans le processus d'infection en permettant au virus un déplacement à longue distance dans la plante.

Récemment, Ling *et al.* (2013) rapporte l'existence d'un ORF additionnel ORFx présente dans tous les sobémovirus. Cet ORF s'imbrique à l'extrémité 5' terminal de l'ORF2a et s'étend sur une certaine distance. Cependant, son rôle n'est pas encore déterminé.

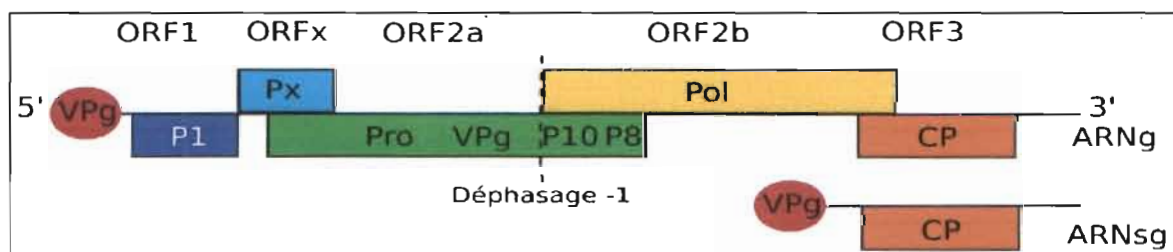


Figure 8 : Organisation génomique du RYMV

Source : Ling *et al.* (2013)

3.3. Variabilité du RYMV

3.3.1. Variabilité sérologique

Des outils sérologiques ont été longtemps utilisés pour établir des infections de RYMV, car le virus est fortement immunogène et n'a pas des rapports sérologiques avec aucun autre virus de plante (Traore *et al.*, 2008d). La variation sérologique du virus a été démontrée la première fois par des études à travers des réactivités avec des anticorps polyclonaux dans des doubles analyses de gel de diffusion (Fauquet et Thouvenel, 1987). A partir de ces anticorps polyclonaux, une grande variabilité sérologique a été mise en évidence et a permis d'identifier des sérogroupes. Une caractérisation plus précise avec des anticorps monoclonaux (MAbs A, C, D, E, et G) a révélé l'existence de cinq sérogroupes (Ser1 à Ser5 et Ser-Sa) aux distributions géographiques distinctes (Fargette *et al.*, 2002). Les sérotypes Ser1, Ser2, Ser3 et Ser-Sa (souche sahélienne) sévissent en Afrique de l'Ouest et du Centre avec une prédominance de Ser1 en zone de savane et Ser2 en zone de forêt, tandis que Ser4 et Ser5 ont été identifiés seulement en Afrique de l'Est et à Madagascar. On a pu observer de fortes différences de propriétés sérologiques entre les sérogroupes d'Afrique de l'Est (Ser4, Ser5) et d'Afrique de l'Ouest (Ser1, Ser2, Ser3) (N'Guessan *et al.*, 2000).

3.3.2. Variabilité pathogénique

La pathogénie est le processus par lequel un parasite agit sur un organisme pour induire une maladie. Elle se décompose en virulence et agressivité. La virulence est la capacité d'une souche à infecter une variété possédant une résistance à ce virus. L'agressivité quant à elle exprime l'intensité des symptômes chez une variété chez qui elle peut se développer. C'est un caractère s'exprimant de manière quantitative (Fraser, 1986). On a observé de grandes différences dans la pathogénicité parmi des isolats une fois inoculés sur différents cultivars (N'Guessan *et al.*, 2001).

En effet, les résultats sur les études de la pathogénie de 270 isolats de RYMV collectés dans cinq pays de l'Afrique, dont trois pays de l'Afrique de l'Ouest (Burkina Faso, Mali et Togo) et deux du Centre (Cameroun et Tchad) en zones de savanes soudano-sahéliennes suite à des inoculations sur une variété sensible (BG 90-2) et sur deux variétés résistantes (Tog5681 et Giganté). Les résultats ont montré que tous les isolats ont induit des symptômes chez BG 90-2 et qu'environ 37% des isolats ont été capables d'infecter les variétés résistantes TOG5681 et Giganté. Ces deux variétés de riz ont présenté des réactions différentes et on a distingué trois

principaux groupes pathogéniques. En effet, une partie des isolats du premier et du deuxième groupe ont pu contourner respectivement la résistance chez Giganté seule, et chez TOG5681 seule, tandis qu'une partie du troisième groupe a contourné la résistance chez les deux variétés à la fois (Traoré *et al.*, 2006).

Des études de criblage réalisées à l'ADRAO, utilisant un isolat du virus venant de Gagnoa a permis d'identifier un grand nombre de lignées résistants et tolérants. Mais lorsque ces lignées ont été amenées sur d'autres sites de la Côte d'Ivoire, pour un test en milieu paysans, plusieurs d'entre elles n'étaient plus résistantes. Ceci complique d'une manière particulière la question de la résistance au RYMV, puisqu'une variété résistante à un pathotype dans une localité donnée peut être sensible dans une autre où il y'a un autre pathotype (ADRAO. 2000).

3.3.3. Phylogénie

La datation moléculaire du RYMV suggère que le virus aurait apparu il y'a 180 ans en Afrique de l'Est. Cela serait dû à l'introduction de l'espèce *O. sativa* en Afrique de l'Est au XIX^{ème} siècle et l'intensification de la culture du riz dès la moitié du XXe siècle. L'apparition du virus en Afrique de l'Ouest aurait eu lieu 100 ans dans le Delta du Niger (Pinel-Galzi *et al.*, 2015 ; Trovão *et al.*, 2015).

La diversité du RYMV à l'échelle du continent africain a été étudiée en utilisant la séquence du gène de la protéine de capsid de 366 isolats. Il ressort une correspondance entre l'analyse moléculaire et sérologique, mais l'analyse moléculaire a été plus distinctive. Six souches majeures ont pu être identifiées avec une phylogénie qui se scinde en trois lignées (S5, S6 et S4-S1) et une distribution géographique distincte (Figure 9 et 10). La lignée S5 est confinée à kilombo, une région le long de l'Océan Indien à la latitude de l'Archipel de Zanzibar. La lignée S6 est présente uniquement en Afrique de l'Est, principalement le long de la zone côtière de l'Océan Indien. Les souches de la lignée S4-S1 sont reparties partout en Afrique (Trovão *et al.*, 2015). Le RYMV enregistre une diversité nucléotidique moyenne entre isolats de 7 à 15% (Fargette *et al.*, 2004). Sa vitesse d'évolution de 4 et 8 x 10⁻⁴ nucléotides par sites et par an, équivaut à celle des virus des animaux (Fargette *et al.*, 2008).

La phylogénie du RYMV reconstruite à partir de ces 366 isolats représentatifs de la diversité géographique et génétique du virus suggère une origine Tanzanienne du virus. En effet, on a pu noter une forte corrélation entre le typage moléculaire, sérologiques et l'origine géographique des isolats. Il est ressorti que la diversité génétique est maximale à l'Est de la Tanzanie et décroît progressivement de l'Est vers l'Ouest (Pinel-Galzi *et al.*, 2015).

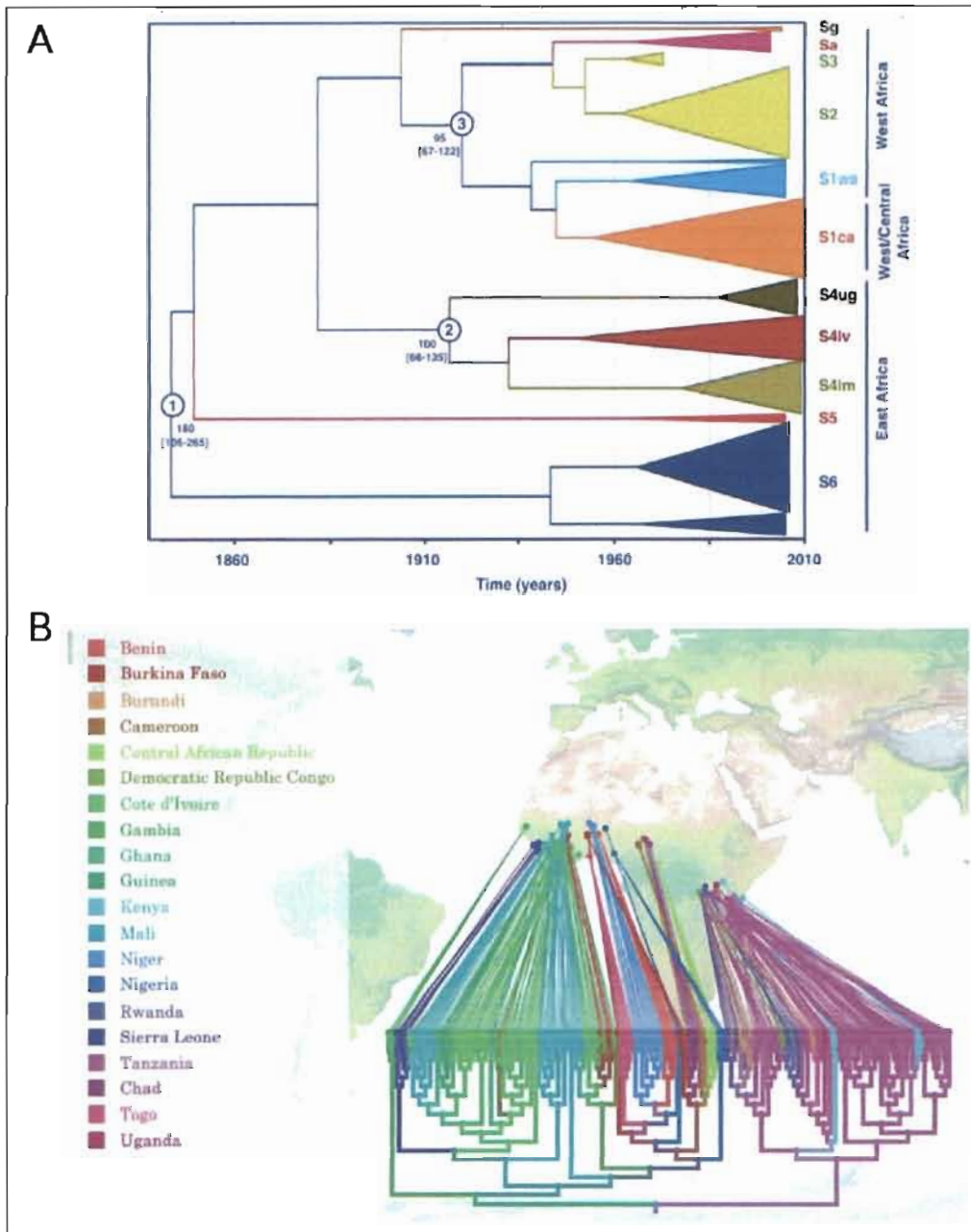


Figure 9 : Phylogéographie du RYMV.

A : Arbre phylogénétique construit selon la méthode maximum clade credibility (MCC) et annoté avec les temps de divergence estimés. **Source** : Pinel-Galzi *et al.* (2015)

B : Arbre MCC relié à la localisation de collecte des isolats. Les branches de l'arbre sont colorées en fonction des pays d'origine des isolats. **Source** : Trovão *et al.* (2015)

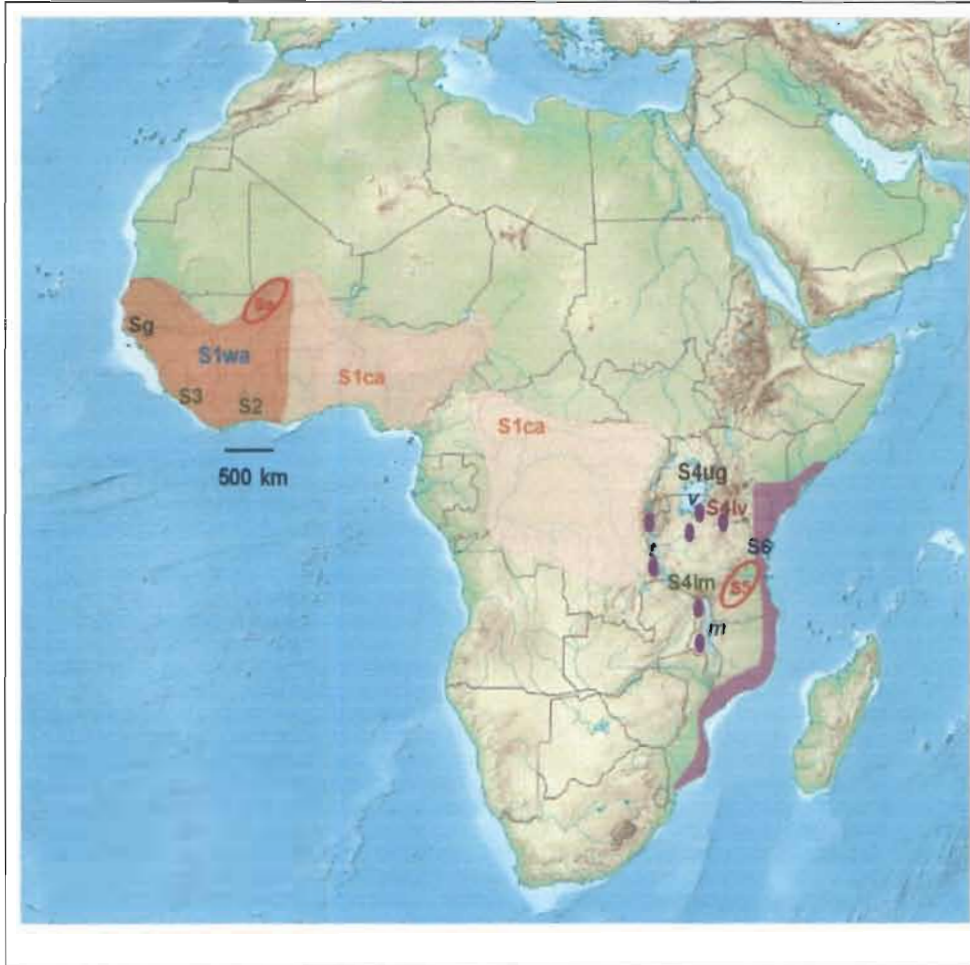


Figure 10 : Culture du riz en Afrique et distribution des souches de RYMV

Source : Pinel-Galzi *et al.* (2015)

IV. Adventices du riz

4.1. Définition

Toutes les espèces qui s'introduisent dans les cultures sont couramment appelées adventices ou mauvaises herbes. Bien que généralement employés dans le même sens, ces deux termes ne sont pas obligatoirement identiques (Melakhessou, 2007). Pour l'agronome, les adventices sont des plantes herbacées ou ligneuses indigène à la flore d'un territoire dans lequel elle est accidentellement introduite et peut s'y installer (Schaub, 2010). Le terme mauvaise herbe désigne toute plante qui pousse là où sa présence est indésirable. Elle fait donc intervenir la notion de nuisance en milieu cultivé en particulier (Soufi, 1988). Traoré (1991) propose une définition beaucoup plus large. Il considère comme mauvaise herbe une plante nuisible dans une culture, car indésirable, susceptible de causer des dommages à la culture, par la concurrence qu'elle exerce, pour l'alimentation en eau et en élément minéraux, la lumière, l'occupation de

l'espace, et qui n'a pas d'utilité immédiate concernant : l'agroforesterie, la lutte contre l'érosion, l'alimentation.

4.2. Classification et identification

4.2.1. Classification

Les adventices appartiennent au sous embranchement des angiospermes et se regroupent généralement les deux grandes familles que sont les monocotylédones et les dicotylédones. Les monocotylédones sont celles possédant un seul cotylédon, des faisceaux dispersés sans cambium extra vasculaire. Les adventices de cette classe ne possèdent pas réellement de tronc. Les feuilles sont pennées avec des nervures parallèles et les nervures sont trimètres. Quant aux dicotylédones, ils possèdent deux cotylédons, des faisceaux conducteurs en cercle avec cambium. La tige croît avec l'âge, les feuilles ont des nervures réticulées tandis que les fleurs présentent une symétrie d'ordre 4 à 5 (www.futura-sciences.com).

Cependant, les adventices peuvent également être classifiées selon leur cycle de vie. On distingue ainsi les plantes annuelles ayant un cycle végétatif inférieur à un an, des plantes bisannuelles ayant un cycle de deux ans ou plus. Les vivaces peuvent vivre plusieurs années et se multiplier par les voies sexuée et végétative (bulbes, rhizomes, stolons...) (Pipon, 2013).

4.2.2. Identification

La systématique végétale ou taxonomie permet d'identifier et de regrouper les mauvaises herbes dans des classes ou systèmes en prenant en compte les caractéristiques morphologiques, cytologiques, biochimiques et de biologie moléculaire (www.futura-sciences.com) : c'est la systématique végétale ou taxonomie. Dans notre étude nous allons regrouper les adventices selon les trois (03) grandes familles taxonomiques qui sont les *Poaceae*, les *Cyperaceae* et les Plantes à larges feuilles. Les plantes à larges feuilles sont toutes les dicotylédones ainsi que les monocotylédones dont la largeur des feuilles leur confère une apparence de dicotylédone tels que les *Commelinaceae*, les *Pontederiaceae* et même une fougère, *Marsilea minuta* L. (Merlier et Montegut, 1989). La flore « Les Adventices en riziculture en Afrique de l'Ouest » de D. E. Johnson (1997) a été utilisé pour l'inventaire des adventices.

4.3. Nuisibilité des mauvaises herbes

Les adventices posent un problème de concurrence à certaines périodes et peuvent entraîner des pertes de rendement et diminuer la qualité des récoltes. Les pertes partielles dues aux adventices dans la région Ouest Africaine peuvent atteindre des proportions de l'ordre de 84 % en riziculture pluvial selon les espèces d'adventices, la variété de riz et l'humidité ambiante et varient de 8 à 30 % pour la riziculture irriguée repiquée (Akintayo *et al.*, 2008)

Elles sont considérées comme nuisibles dans la mesure où elles peuvent entraîner une perte soit de quantité (nuisibilité primaire directe), ou de qualité (nuisibilité primaire indirecte) du produit récolté. Elle se manifeste sous plusieurs formes et durant les différentes phases de la vie de la culture. Elle se traduit, sur le plan économique, par une baisse notable du rendement et de la qualité du produit des cultures infestées (Amadache, 1995). Mais, il existe un seuil de nuisibilité pour chacune des espèces. Les adventices peuvent aussi provoquer des pertes de rendement par parasitisme (les orobanches, par exemple) ou par allélopathie (Fargeiry, 1987).

4.4. Adventices hôtes du RYMV

Le RYMV dispose d'une gamme d'hôte relativement restreinte, se limitant généralement à la famille des *Poaceae*. Ces hôtes constituent des plantes réservoirs qui contribuent au maintien et à la dissémination du virus (Tableau III). Seulement une trentaine d'espèces appartenant à la famille des *Poaceae* ont été infectées par le virus. La majorité d'entre elles sont rangées dans les tribus (familles) des *Oryzeae* et celles des *Eragrostideae*. Trois autres sont représentées de façon mineur (Traoré, 2005). Comparativement aux hôtes artificiels très peu d'espèces de plantes ont été identifiées comme hôtes naturels du RYMV. Le genre *Oryza* a été rapporté comme étant le principal hôte naturel du RYMV et *Oryza longistaminata* a été reconnue comme étant le seul hôte naturel sauvage du RYMV.

Tableau III : Hôtes du virus de la panachure jaune du riz

Espèces	Tribu	Réaction*	Référence**
Hôtes artificiels			
<i>Bromus hordeaceus</i>	<i>Bromeae</i>	locale	[a]
<i>Dactyloctenium aegyptium</i>	<i>Eragrostideae</i>	≈locale	[a]
<i>Dinebra retroflexa</i>	<i>Eragrostideae</i>	systemique	[a]
<i>Digitaria sanguinalis</i>	<i>Paniceae</i>	systemique	[c]
<i>Diplacne caudata</i>	<i>Eragrostideae</i>	systemique	[a]
<i>Echinochloa crus-galli</i>	<i>Paniceae</i>	systemique	[c]
<i>Eleusine coracana</i>	<i>Eragrostideae</i>	≈locale	[a]
<i>Eleusine indica</i>	<i>Eragrostideae</i>	systemique	[c]

Tableau III (suite)

<i>Eragrostis aethiopica</i>	<i>Eragrostideae</i>	systemique	[a]
<i>E. aspera</i>	<i>Eragrostideae</i>	≈locale	[a]
<i>E. chapelieri</i>	<i>Eragrostideae</i>	locale	[a]
<i>E. cilianensis</i>	<i>Eragrostideae</i>	locale	[a]
<i>E. ciliaris</i>	<i>Eragrostideae</i>	systemique	[a]
<i>E. macilenta</i>	<i>Eragrostideae</i>	locale	[a]
<i>E. namaquensis</i>	<i>Eragrostideae</i>	systemique	[a]
<i>E. pilosa</i>	<i>Eragrostideae</i>	≈locale	[a]
<i>E. tef</i>	<i>Eragrostideae</i>	locale	[a]
<i>E. tenella</i>	<i>Eragrostideae</i>	systemique	[a]
<i>E. tenuifolia</i>	<i>Eragrostideae</i>	systemique	[c]
<i>Oryza alta</i>	<i>Oryzeae</i>	locale	[a]
<i>O. australiensis</i>	<i>Oryzeae</i>	systemique	[a]
<i>O. brachyantha</i>	<i>Oryzeae</i>	systemique	[a]
<i>O. eichingeri</i>	<i>Oryzeae</i>	locale	[a]
<i>O. glandiglumis</i>	<i>Oryzeae</i>	locale	[a]
<i>O. latifolia</i>	<i>Oryzeae</i>	locale	[a]
<i>O. minuta</i>	<i>Oryzeae</i>	locale	[a]
<i>O. nivara</i>	<i>Oryzeae</i>	systemique	[a]
<i>O. officinalis</i>	<i>Oryzeae</i>	locale	[a]
<i>O. punctata</i>	<i>Oryzeae</i>	systemique	[a]
<i>O. ridleyi</i>	<i>Oryzeae</i>	systemique	[a]
<i>O. rufipogon</i>	<i>Oryzeae</i>	systemique	[a]
<i>O. spontanea</i>	<i>Oryzeae</i>	systemique	[a]
<i>Panicum maximum</i>	<i>Paniceae</i>	systemique	[c]
<i>Phleum arenarium</i>	<i>Phalarideae</i>	systemique	[a]
<i>Setaria viridis</i>	<i>Paniceae</i>	locale	[a]
Hôtes naturels			
<i>Acroceras zizanioides</i>	<i>Poaceae</i>		[f]
<i>Oryza. barthii</i>	<i>Oryzeae</i>	systemique	[a], [f], [g]
<i>O. sativa</i>	<i>Oryzeae</i>	systemique	[a], [f]
<i>O. longistaminata</i>	<i>Oryzeae</i>	systemique	[b],[d], [e], [g]
<i>Echinochloa colona</i> ***	<i>Oryzeae</i>	systemique	[d],[e],[g]
<i>Eragrostis sp.</i>	<i>Poaceae</i>		[f]
<i>Ischaemum rugosum</i>	<i>Poaceae</i>		[g]
<i>Lersaria hexandra</i>	<i>Poaceae</i>		[e]
<i>Paspalum emblectens</i>	<i>Poaceae</i>		[e]
<i>Panicum repens</i>	<i>Poaceae</i>		[e], [g]
<i>Panicum subalbidum</i>	<i>Poaceae</i>		[f]
<i>Cynodon dactylon</i>	<i>Cyperacea</i>		[e]
<i>Cyperus rotendus</i>	<i>Cyperacea</i>		[e]
<i>killinga squamulata</i>	<i>Cyperacea</i>		[e]
<i>Cyperus sp.</i>	<i>Cyperacea</i>		[e]

Tableau III (suite)

<i>Sacciolepis africana</i>	<i>Poaceae</i>	[f]
<i>Setaria longistaminata</i>	<i>Poaceae</i>	[f]

***Locale** : virus uniquement toujours présent dans les feuilles inoculées ; **≈locale** : virus occasionnellement présent dans les feuilles inoculées ; **Systémique** : dans d'autres parties de la plante.

**[a] Bakker, 1974 ; [b] John *et al.*, 1984 ; [c] Awoderu, 1991 ; [d] Heinrichs *et al.*, 1997 ; [e] Issaka *et al.*, 2012, [f] Traoré *et al.*, 2001 ; [g] Konaté *et al.* (1997).

****Echinochloa colona* a été identifiée sur la base de symptômes.

V. Méthodes de lutte contre la panachure jaune du riz

5.1. Pratiques culturales

Le RYMV est un virus dont les effets sur la plante varient selon le stade végétatif au cours duquel a lieu l'infection et la sensibilité de la variété (Coulibaly, 1999). L'acquisition de connaissances de plus en plus grandes sur l'épidémiologie du RYMV a permis la mise en œuvre de mesures de luttés culturales. A cet effet, des conseils d'ordre général basés sur les pratiques culturales et les mesures prophylactiques (Koassi, 2005) ont été prodigués aux paysans pour empêcher ou limiter la transmission du RYMV et par conséquent la propagation de la panachure jaune du riz. Cette lutte consiste à désherber régulièrement les pépinières et les champs de riz ; à nettoyer les diguettes et les canaux d'irrigation pour éliminer les hôtes alternatifs du RYMV et réduire ainsi la pression des insectes et rongeurs. Lors des opérations d'entretien, il faut éviter de toucher les plants sains après que les mains aient été en contact avec des plants malades. Il faut également empêcher le bétail de brouter les plants en pépinières et dans les champs de riz (Traoré *et al.*, 2008a). Cependant, certaines d'entre elles nécessitent la formation des agents de vulgarisation et des producteurs de riz à une bonne reconnaissance de la panachure jaune dans le champ (Traoré *et al.*, 2008b).

5.2. Lutte chimique

La lutte chimique se traduit par l'utilisation d'insecticide pour détruire les insectes vecteurs du RYMV afin de réduire le taux d'inoculum du virus (Traoré, 2005). Cette lutte a abouti à des résultats concluants au sein des périmètres rizicoles infectés par le virus (Abo, 1998). Cependant, l'application d'insecticides n'est pas envisageable notamment dans la plupart des périmètres rizicoles africains. En effet, la production rizicole est généralement intégrée à d'autres secteurs. Les ressources en eau et les résidus de récoltes comme la paille de

riz sont aussi directement utilisés par l'homme ou le bétail (Thibaud et Brondeau, 2001). La pollution des eaux par les produits chimiques peut alors constituer une source d'empoisonnement. En outre, elle est de moins en moins utilisée car non seulement elle est très coûteuse, mais aussi la non spécificité des produits chimiques réduit les populations d'insectes utiles.

5.3. Lutte génétique

Comme pour beaucoup d'autres virus, l'utilisation des variétés résistantes semble être le moyen le plus prometteur pour lutter contre le RYMV (Albar *et al.*, 2006) du fait que l'épidémiologie de la maladie n'est pas suffisamment connue pour envisager des méthodes alternatives à part entière (Traoré *et al.*, 2008a). Les efforts de lutte génétique sont surtout orientés vers la recherche de variétés résistantes au RYMV. En effet, plusieurs études sur la recherche de variétés résistantes menées ont permis d'identifier des variétés de riz résistantes au RYMV. Deux types de résistance naturelle ont pu être caractérisées chez certaines variétés. Une résistance partielle qui se caractérise par un retard d'apparition des symptômes et d'accumulation des particules virales a été identifiée chez des variétés de la sous-espèce *O. sativa* notamment Azucena, Morobérékan FKR 33, Lac 23 et OS6 (Ioannidou *et al.*, 2000). Une résistance élevée caractérisée par une absence de l'expression symptomatique et un blocage du déplacement du virus dans la plante (Ndjiondjop *et al.*, 1999).

La résistance élevée est commandée par deux gènes de résistance nommés RYMV1 et RYMV2. Le gène récessif RYMV1 (Ndjiondjop *et al.*, 1999) est porté par le chromosome 4 (Albar *et al.*, 2003) et code pour le facteur eIF(iso)4G (Albar *et al.*, 2006) de déclenchement de traduction. Cinq allèles de RYMV1 ont été identifiés, un dans les cultivars Gigante et Bekarosaka (allèle *rymv1-2*) de *O. sativa*, et trois dans les cultivars Tog5681 (*rymv1-3*), Tog5672 (*rymv1-4*) et Tog5674 (*rymv1-5*) de *O. glaberrima*. L'allèle *rymv1-1* a été identifié chez les variétés sensibles de riz comme IR64 et BG 90-2. Ces allèles diffèrent les uns des autres par des mutations ponctuelles ou des délétions dans le domaine central du gène (Albar *et al.*, 2006). Le gène RYMV2 a été identifié chez les variétés Tog5672 et Tog7291 de l'espèce *O. glaberrima*, mais peu de connaissances sont disponibles sur ce gène. Outre cela, des QTLs gouvernant des résistances partielles au RYMV ont été identifiés sur les chromosomes 7 et 12 chez la variété Azucena (Ioannidou *et al.*, 2003).

Récemment, Pidon (2016) a identifié un troisième gène de résistance élevée, monogénique RYMV3 chez la variété Tog5307. Il s'agit du premier gène de résistance dominant identifié dans le pathosystème de riz/RYMV.

Le transfert de ces résistances chez des variétés productives mais sensibles est en cours. Ainsi, l'allèle *rymv1-2* a été introgressé dans les cultivars *indica* largement développés qui sont maintenant propagés sur le terrain. Des variétés prometteuses à l'exemple des NERICA (New Rice for Africa : nouveau riz pour l'Afrique) ont été également obtenues. Aussi, des variétés de riz transgéniques ont été mises au point mais n'ont pas connu de déploiement sur le terrain (Traoré *et al.*, 2008a).

En dépit de ces différentes sources de résistance, des isolats capables de contourner la résistance de Tog5681 et Giganté ont été identifiés en Afrique de l'Ouest et du Centre (Traoré *et al.*, 2006). L'aptitude à contourner la résistance élevée varie considérablement en fonction des allèles et d'un isolat à l'autre (Traoré *et al.*, 2010). Hebrade *et al.* (2010), ont démontré *in vitro* que cette capacité du virus à contourner la résistance dépend de l'interaction entre la protéine virale est liée au génome (VPg) codé par l'ORF2 du virus et le gène Eif(iso)4G de la plante de riz.

5.4. Lutte intégrée

La lutte intégrée contre les maladies est centrée sur la résistance variétale. Cette lutte intègre l'utilisation des variétés résistantes, les bonnes pratiques culturales associées à des mesures prophylactiques dans une approche de gestion intégrée des maladies (Traoré *et al.*, 2008a). Pour être efficace et utile sa mise œuvre nécessite une complicité de la part des acteurs d'une même région (Traoré, 2005). Elle constitue le moyen de limitation des populations pathogènes le plus simple et le plus économique et donc le plus accessible aux producteurs (INERA, 2012) du fait que la résistance variétale peut être insuffisante pour protéger la culture de façon durable (Wopereis *et al.*, 2008c).

DEUXIEME PARTIE-
MATERIEL ET METHODES

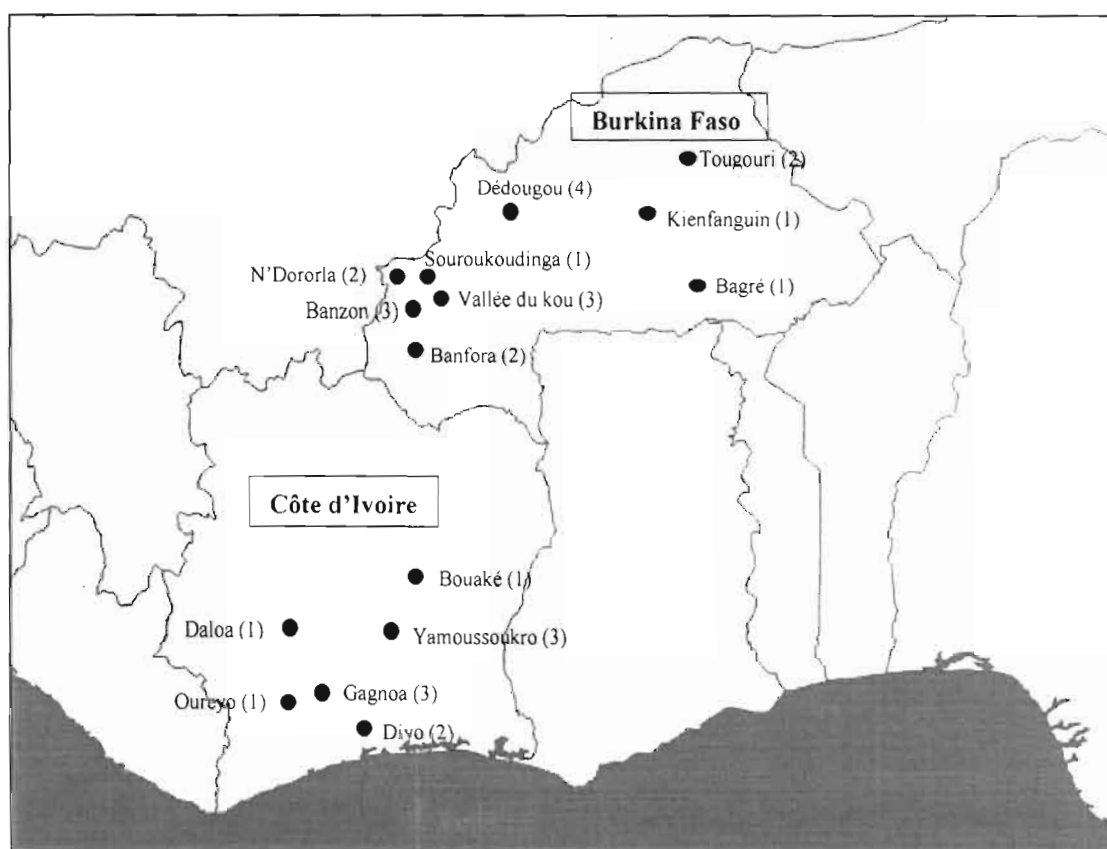
Chapitre 3 : MATERIEL ET METHODES

I. Caractérisation moléculaire des souches de RYMV

1.1. Matériel

1.1.1. Zones de collectes

Des isolats du virus de la panachure jaune du riz disponibles au laboratoire de virologie et de biotechnologies végétales de l'INERA ont été utilisés dans la présente étude. Ces échantillons viraux ont été collectés sur la base des symptômes caractéristiques de la maladie de la panachure jaune. Ils proviennent de deux pays d'Afrique de l'Ouest : le Burkina Faso et la Côte d'Ivoire (Figure 11). Les isolats viraux ont été conservés au laboratoire dans un congélateur à -80°C.



• Localités de collecte des isolats

() Nombre d'isolat

NB : localité non située : Guedou (2)

Figure 11 : Zones de collectes des échantillons

1.2. Méthode

1.2.1. Multiplication des isolats

Les isolats ont été multipliés sous serre afin d'obtenir du matériel frais nécessaire à la caractérisation moléculaire. La multiplication a consisté à faire une inoculation mécanique sur la variété de riz sensible IR64. Pour cela, des échantillons de feuille ont été broyés dans une solution de tampon phosphate pH 7,0. Du carborundum (600 mesh) a été ajouté aux extraits pour servir d'abrasif. L'inoculum ainsi obtenu a été ensuite frottés avec les doigts sur des feuilles des jeunes plantes âgées de deux semaines. Des échantillons de feuilles de jeunes plantes présentant les symptômes caractéristiques du RYMV ont été ensuite prélevés et conservés à -80°C pour la caractérisation.

1.2.2. Extraction des ARNs totaux

Les ARNs totaux ont été extraits à l'aide du protocole d'extraction au Trizol selon les recommandations du fournisseur (Invitrogen). Les feuilles de riz infectées ont été broyées à l'aide de mortiers et de pilons en porcelaines, stérilisés à 120°C pendant 2h et conservées toute une nuit à -80°C. Les broyats ont été traités avec du Trizol pour permettre la lyse des cellules tout en conservant l'intégrité de l'ARN et le mélange a été immédiatement mis dans la glace. Puis, du chloroforme a été ajouté au mélange et centrifugé à 14000 rpm pendant 15 mn à 4°C. Après cela, le surnageant a été transféré dans un nouveau tube RNase free de 1,5 ml. Les ARNs totaux ont été précipités avec de l'isopropanol puis conservés à -20°C pendant 30 mn. Le mélange a été centrifugé à 14000 rpm pendant 10 mn à 4°C et le culot a été récupéré. Ces ARNs totaux ont été ensuite lavés par ajout d'éthanol 75%. Enfin, ils ont été élués des colonnes par addition de 30 µl d'eau stérile pour être utilisés dans les tests de RT-PCR.

Les ARNs extraits ont été dosés par spectrophotométrie à 260 nm à l'aide du Nanodrop 2000 spectrophotometer afin de déterminer la densité optique des échantillons viraux.

1.2.3. Amplification du gène de la protéine de capsid par RT-PCR

Chez le RYMV, le gène codant la protéine de capsid (ORF4) est le marqueur de la diversité (Abubakar *et al.*, 2003). L'étude de la diversité moléculaire des échantillons a donc consisté à amplifier et à séquencer ce gène.

1.2.3.1. Retro transcription (RT)

L'ORF4 codant la protéine de capside a été transcrite en ADN complémentaire (ADNc) en utilisant l'amorce anti-sens P052 et l'enzyme provenant du virus de leucémie murine de Moloney (MMLV-RT) selon la méthode décrite par Pinel *et al.* (2000).

Le RYMV étant un virus à ARN. Il a donc été retro-transcrit en ADNc avant d'être amplifié par la PCR. L'ARN total extrait des feuilles a été retro-transcrit à l'aide de la transcriptase reverse, enzyme provenant du virus de leucémie murine de Moloney (MMLV-RT) suivant les recommandations du fournisseur (Promega). Brièvement, un aliquot de 9 µl d'ARN total a d'abord été dénaturé par incubation à 70°C pendant 5 min en présence de 1 µl d'amorce P052 (5'-CTC-CCC-CAC-CCA-TCC-CGA-GAATT-3') à 100 µM. Un mélange contenant 10 µl du précédent (ARN + amorce P052) à 10 mM, 1 µl de dNTP 10 mM (dATP, dGTP, dCTP, dTTP), 0,75 µl de l'enzyme MMLV-RT 200 U/µl et 5 µl de tampon RT 5x a été complété avec de l'eau stérile pour un volume total réactionnel de 25 µl. La transcription reverse a été réalisée à 42°C pendant 1 h suivie d'une incubation à 4°C pendant 5 mn pour arrêter la réaction.

1.2.3.2. Amplification par PCR

La réaction PCR proprement dite a été réalisée avec la Go Taq promega. Pour cela, un mélange contenant 3 µl de produit de la retro-transcription, 1 µl de chacune des amorces P052 (5'-CTC-CCC-CAC-CCA-TCC-CGA-GAATT-3') et P013 (5'-CAA-AGA-TGG-CCA-GGA-A-3') à 10 Mm, 5µl de Tampon Taq 5x, 0,08 µl de Go Taq Promega et 0,5 µl de dNTP pour un volume total de 25 µl a été préparé. L'amplification a été réalisée dans un thermocycleur PTC-100. Le programme d'amplification était constitué des étapes suivantes : dénaturation initiale (5 mn, 94°C) suivie de 30 cycles de dénaturation (1 mn, 94°C), hybridation (30 secondes, 55°C) élongation (1 mn, 72°C) et une élongation finale (10 mn, 72°C).

1.2.4. Electrophorèse sur gel d'agarose

Après amplification, les produits d'amplification PCR ont été séparés sur un gel d'agarose à 1% préparé dans du tampon Tris-Acétate-EDTA (TAE) et contenant du bromure d'éthidium (BET) à 0,5 µg/ml. Un volume de 10 µl de chaque produit PCR a été déposé dans les puits du gel pour la migration à 100 V pendant 30 mn.

Un marqueur de poids moléculaire a été déposé en parallèle afin d'évaluer la taille des bandes. Après migration sous une tension électrique de 100 V dans le tampon TAE 0.5 x, les fragments d'ADN ont été visualisés à l'aide d'un trans-illuminateur UV puis photographiés à l'aide d'un appareil photo numérique (SAMSUNG ES74 ; 14,2 Mp).

1.2.5. Analyse des séquences

Le produit d'amplification RT-PCR a été séquencé par GENEWIZ, Paris (France). Le résultat du séquençage reçu sous forme d'électrophorégramme a été analysé à l'aide du paquetage Lasergene de DNASTAR. Ainsi, l'assemblage des séquences en contigs a été réalisé à l'aide du programme SEQMAN en utilisant les paramètres par défaut. Toutefois, des corrections ont été souvent nécessaires lorsque des bases n'étaient pas convenablement identifiées. EDITSEQ a servi à éditer les séquences assemblées. La souche d'appartenance de chaque isolat a été déterminée à partir de la séquence de la protéine de capsidie comme décrit par Fargette *et al* (2002). Les séquences ont été alignées par la méthode Clustal W (Thompson *et al.*, 1994) implémentée dans le programme MEGALIGN.

Les analyses phylogénétiques ont été réalisées en utilisant la méthode de maximum de vraisemblance avec le logiciel PHYML (PHYlogenies by Maximum Likelihood) (Guindon et Gascuel, 2003). Les séquences publiées des isolats BF701cp, BF702cp, Ma210cp, CI115cp, CI110cp, respectivement originaire du Burkina Faso, du Mali et de la Côte d'Ivoire ont été ajoutées aux séquences des isolats testés pour la construction de l'arbre phylogénétique. L'arbre phylogénétique généré a été enraciné sur l'isolat de Tanzanie Tz3 et visualisé à l'aide du logiciel Treeview. Mille (1000) répliques ont été effectuées lors de l'analyse afin d'obtenir l'arbre phylogénétique.

II. Evaluation de la résistances/tolérances au RYMV par criblage variétal

2.1. Matériel

2.1.1. Matériel végétal

Le matériel végétal est constitué de 42 variétés de riz améliorées à haut rendements fournies par le programme riz et riziculture de l'INERA (Tableau IV).

Tableau IV : Liste des variétés utilisées pour le test de criblage

N° d'ordre	Origine/Provenance		Variétés	Espèces ou sous espèces
	Pays	Institution		
1			ARC1-235-B-1	
2			ART346-10-2-1	
3			ART349-1-1-1	
4			WAB2066-WAT21-1-B-1-TGR2	
5			ARC1-432-B-1	
6			FKR19-TSF6-36	
7			WAB2135-WACB-2-TGR3-WAT8-1	
8			WAB2138-WACB-2-TGR2-WAT5-1	
9			ART348-4-1-1	
10			ART346-10-1-1	
11			ART347-9-1-1	
12			ART346-10-4-1	<i>Oryza sativa</i>
13	Bénin	AfricaRice	WAB2066-WAT21-1-B-1-TGR3	
14			ARC1-448-B-1	
15			WAB2152-TGR2-WAT1-2	
16			WAB2081-WAC2-2-TGR2WAT1-8-TGR3	
17			WAB2081-WAC2-2-TGR2-WAT1-9-TGR3	
18			ART29-6-62-1-4-1	
19			WAB2104-WAC5-2-TGR1-BAT8-1	
20			ART347-8-2-1	
21			ARC1-20-B-1	
22			ART315-BC1-6	
23			ART347-7-1-1	
24			ART347-1-1-1	
25				ARICA 2 (CHECK)
26		NERICA-L19 (Check)		
27		FKR 62N		
28		FKR 56N	Interspécifique	
29		FKR 45N		
30		FKR 59		
31	Burkina Faso	INERA	FKR 61	
32			FKR 53	
33			FKR 66	<i>Japonica</i>
34			FKR 70	
35			FKR 68	
36			FKR 19	<i>O. sativa</i>
37			FKR 55	
38		NAMCHE 2	-	
39		NAMCHE 3	-	
40	Uganda	-	NAMCHE 5	-
41			1189	-
42			E22	-

2.1.2. Matériel viral

Deux isolats virulents et non contournant (Doamba, 2015) du virus de la panachure jaune du riz originaire des localités de Banzon (R1) et de Dédougou (Z1) ont été utilisés pour le criblage (Tableau IV). Ces deux isolats ont été caractérisé moléculairement au cours de notre étude. Ils appartiennent respectivement aux deux souches majoritaires du Burkina Faso SI et Sa.

2.1.3. Mesure SPAD

Principe :

Le contenu en chlorophylle a été mesuré sans destruction de la cellule en utilisant le Soil Plant Analytic Development (SPAD) chlorophyll meter (model 502 Plus, Konica Minolta Sensing, Inc., Osaka, Japan) (Maquard et Tipton, 1987). Les valeurs ont été calculées sur la base de la quantité de lumière transmise par la feuille pour deux longueurs d'onde (environ 650 et 950 nm) où l'absorption de chlorophylle est différente (Diaw, 2000). Une mesure SPAD élevé indique une intensité élevée de la teinte foliaire, alors que les faibles lectures indiquent une baisse du niveau de chlorophylle et des symptômes plus graves (Guinta, 2002). Puisque le RYMV cause des jaunissements, les analyses SPAD ont été utilisé pour déterminer la quantité relative de chlorophylle dans les feuilles.



Photo 1 : SPAD meter 502 Plus

2.2. Méthode

2.2.1. Dispositif expérimental

Chaque variété de riz a été semée en deux lots dans un bac en plastique. Dans chaque lot les graines de riz ont été semées en quantité suffisante en deux lignes et un démariage a été effectué par la suite pour laisser dix plantes par ligne (Figure 12). Un pot constitué de 20 plantes non inocuées de chaque variété a été disposé pour servir de témoin.

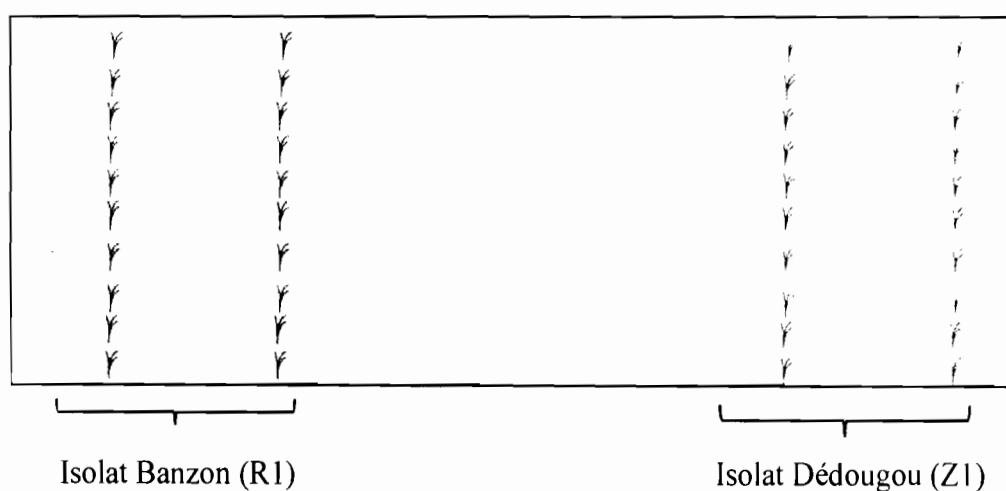


Figure 12 : Plan d'un bac contenant une variété de riz

2.2.2. Inoculation du RYMV

La variété de riz IR64 a été utilisée pour multiplier les deux isolats. Des échantillons de feuilles ont été directement prélevés et utilisés comme inoculum. La préparation de l'inoculum a consisté à broyer les échantillons dans du tampon phosphate 0,05 M pH 7,0 (1g de feuille pour 10 ml de tampon) à l'aide d'un mortier et d'un pilon stériles. Du carborundum 600 mesh a été ajouté au broyat pour favoriser la pénétration du virus.

Les deux isolats R1 et Z1 ont été inocués mécaniquement sur les différentes variétés de riz âgées de 14 jours. L'inoculation a consisté à frotter à l'aide des doigts trempés dans l'inoculum les feuilles de chaque pied.

2.2.3. Evaluation de la résistance/tolérance au RYMV

2.2.3.1. Délai d'apparition des Symptômes (DAS) et Incidence du RYMV

Délai d'apparition des symptômes (DAS) :

La date d'apparition des symptômes a été déterminé pour chaque variété.

Incidence :

L'incidence a été évaluée à 14, 28 et 45 JAI suivant la formule décrite par Sérémé *et al.* (2016a).

$$I(\%) = \frac{PA \times 100}{PT}$$

Où I : incidence de la maladie ; PA : nombre de plantes infectées (une plante a été considérée comme infectée lorsqu'elle présente des symptômes à la date d'observation ; PT : nombre total de plante.

L'échelle de notation décrite par Bouet et Amancho (2010) a ensuite été utilisé pour déterminer le statut des variétés, avec quelques modifications. Une variété de riz a été considérée comme :

- Résistante si l'incidence est de 0% ;
- Tolérante quand l'incidence est comprise entre 0 et 5% inclus ;
- Moyennement tolérante, quand l'incidence est supérieure à 5% mais inférieure ou égale à 10% ;
- Moyennement sensible si l'incidence se situe entre 10 et 15% compris ;
- Sensible lorsque l'incidence est supérieure à 15%.

Afin de confirmer l'observation des symptômes, des échantillons de feuilles ont été prélevé et soumis au DAS ELISA comme précédemment décrit (II.5).

Le test de Student (XLSTAT 2007) a été utilisé au seuil de 5% pour la comparaison des moyennes de l'incidence entre les deux isolats.

2.2.3.2. Mesure de la teneur en chlorophylle

La teneur en chlorophylle des feuilles inoculées et celles des témoins (non inoculés) a été déterminée par le SPAD mater 502 plus à 28 et 45 JAI. Les mesures ont été effectuées sur l'avant dernière feuille. Trois mesures ont été prises par plante. Ces mesures ont été effectuées sur deux plantes sélectionnées aléatoirement par variété, à partir du tiers supérieur de la feuille

vers la base de la feuille. La moyenne de ces mesures a été calculé directement par le SPAD meter et relevé pour servir de valeur de la teneur en chlorophylle.

Le logiciel Genstat 9.2 a été utilisé pour l'analyse des données SPAD.

2.2.3.3. Taux de réduction de la hauteur (TRH)

La réduction de la hauteur est l'un des symptômes caractéristiques du RYMV sur les plantes de riz (Sarra, 2005). La hauteur des plantes a donc été mesuré à la maturité et le taux de réduction de la hauteur (TRH) a été déterminé suivant la formule de Amancho *et al.* (2009) de la manière suivante :

$$\text{TRH} = [(\text{HPs} - \text{HPm}) \times 100] / \text{HPs}$$

HPs : hauteur plante saine (témoin) ; HPm : hauteur plante malade

Le logiciel XLSTAT 2014 a été utilisé pour l'analyse du taux de réduction de la hauteur.

III. Inventaire des hôtes potentiels du virus dans les rizières infectées

3.1. Matériel

Les plantes hôtes jouent un rôle très important dans l'épidémiologie des maladies virales en général et du RYMV en particulier. Les études de détermination de ces hôtes se font généralement de façon aléatoire à travers les prospections et collectes au champ ce qui ne permet pas d'effectuer un échantillonnage exhaustif pour l'identification des plantes hôtes des virus.

La présente étude a donc été entreprise pour pallier à cette insuffisance.

3.2. Méthode

3.2.1. Prospection et collecte d'échantillons d'adventices

Des prospections ont été réalisées de façon aléatoire dans les périmètres irrigués de l'Ouest du Burkina Faso (Banfora, Banzon, Karfiguéla et Vallée du kou), où la présence du virus a été fréquemment signalée (hot spot) (Figure 13). Elles ont été effectuées en août 2016 dans des parcelles élémentaires (25 m x 25 m). Lors de ces prospections, des prélèvements de sol ont été effectués dans ces champs de riz et tamisé pour retenir les grains d'adventices. Le prélèvement a été fait avec une tarière dans les 10-20 premiers cm pour recueillir la banque de semence qui se trouve piégée en attendant la saison pluvieuse pour germer. Cinq échantillons

de 3 kg chacun ont été prélevés suivant les deux diagonales de chaque parcelle (Figure 14). Ces sous-échantillons ont été mis en commun pour former un échantillon unique de 15kg par parcelle et étiqueté (code de l'échantillon, nom du site, coordonnées GPS, date de collecte).

Pour obtenir les grains de mauvaises herbes se trouvant dans chaque échantillon, un lavage et un tamisage ont été effectués. Ainsi, les échantillons ont été lavés à l'aide d'une fine pression d'eau à travers deux tamis des mailles de 5 et 0,20 mm superposés dans une bassine, la plus grande maille posée sur la plus petite. Les grains de sable passent à travers les tamis, les particules retenues par les mailles, appelées refus contiennent généralement les graines de mauvaises herbes.

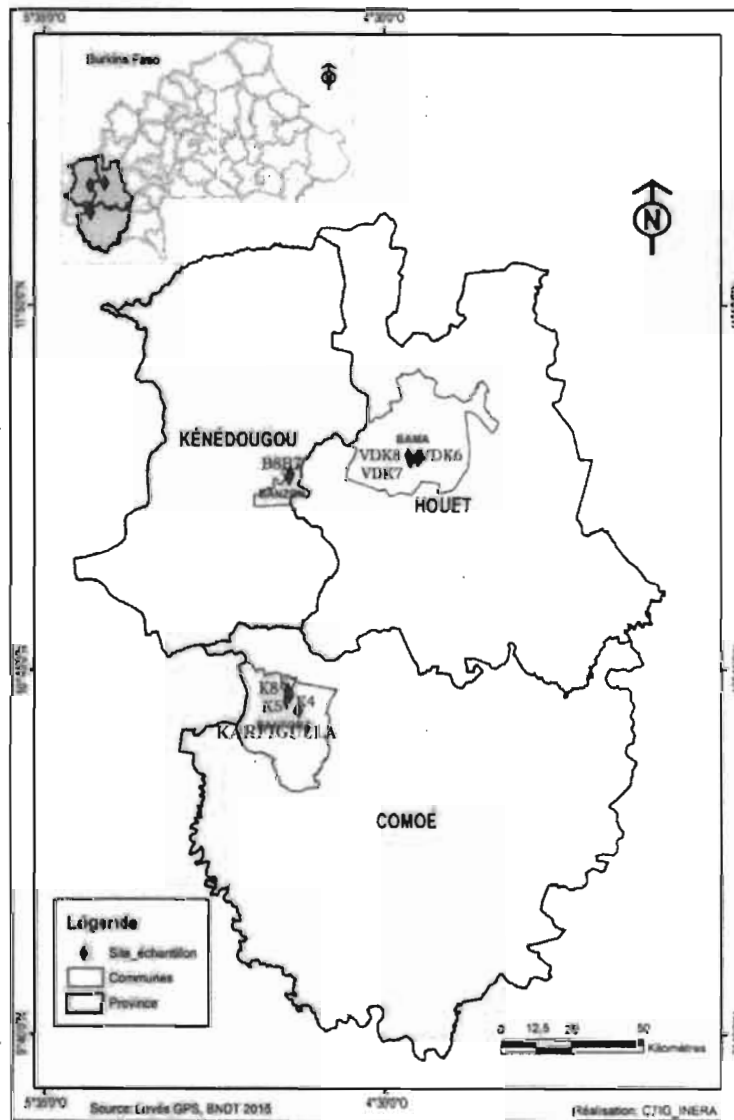


Figure13 : Présentation des sites d'étude

Source : BNDT (2015)

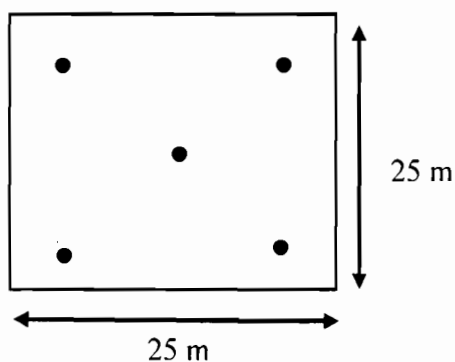
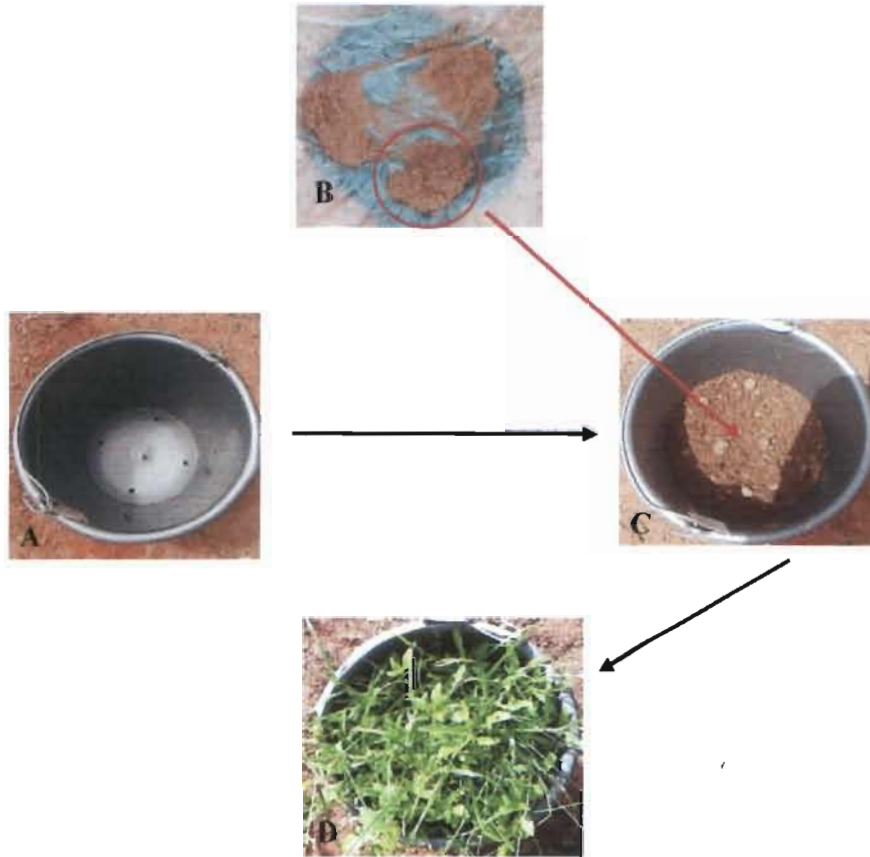


Figure 14 : Plan de collecte d'échantillon sur une parcelle élémentaire

3.2.2. Mise en place de l'essai

A la station, de la terre a été prélevée et stérilisée à 300° C pendant 30 minutes dans un stérilisateur pour servir de substrat pour les adventices. La stérilisation vise éviter le développement d'adventices non échantillonnés et qui se trouveraient dans le substrat. Afin d'éviter la compétition entre espèces pour les éléments minéraux, de booster la croissance des plantes, d'éliminer le doute sur le fait que les symptômes seraient dus à une carence en azote et de faciliter la collecte des données, chaque échantillon de graines d'adventice a été divisé en trois parties pour constituer trois sous échantillons. Le semis a consisté à répartir en une couche superficielle les sous échantillons dans des pots contenant la terre stérilisée et mélanger à la couche superficielle de la terre stérilisée (Photo 2). Un pot contenant uniquement la terre stérilisée a servi de témoin pour la stérilisation.

Une dose de 1.5g d'urée a été apportée dans chaque pot à quatre semaines après semis pour servir de fertilisant.



A : Pot en plastique ; **B** : Échantillon de graines d'adventice ; **C** : pot en plastique rempli au 2/3 de terre stérilisée ; **D** : adventices émergées d'un pot

Photo 2 : Processus de semis des adventices

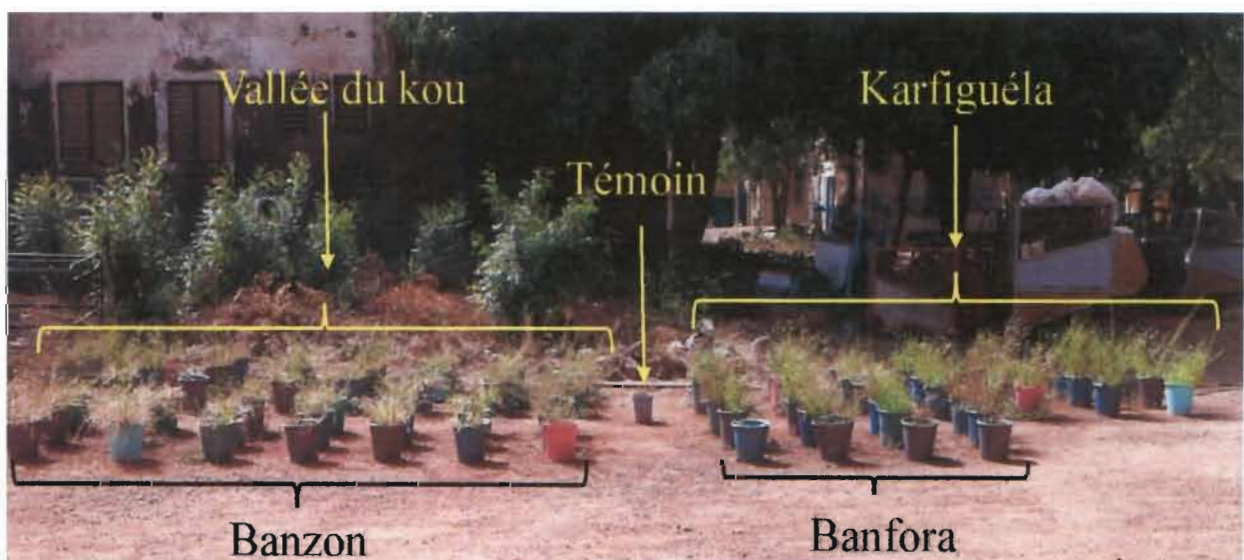


Photo 3 : Dispositif expérimental de l'essai sur les hôtes réservoirs

3.3. Production de l'inoculum viral et infection des plantes

Trois isolats de RYMV (R1, N1 et T1) provenant respectivement de Banzon, Banfora et de la Vallée du Kou ont été utilisés pour l'infection des adventices collectées. Les isolats de la même localité ont servi pour inoculer les adventices issus des échantillons de cette même localité. Ces isolats ont été préalablement multipliés sur la variété de riz sensible IR64 afin d'obtenir du matériel frais et en quantité suffisante. Les adventices issus des échantillons ont été ensuite transférées sous serre pour l'inoculation.

La préparation de l'inoculum a consisté à broyer les feuilles des plants infectés dans du tampon phosphate de sodium 0,05 M pH 7,0 dans un rapport de 1/10 (1g de feuille pour 10 ml de tampon). Du carborundum (600 mesh) a été ajouté au broyat pour servir d'abrasif. L'extrait ainsi obtenu a été appliqué aux feuilles des jeunes plantules d'adventice par frottement avec les doigts préalablement trempés dans l'inoculum. Deux inoculations ont été réalisées par pots. La première à 04 semaines après semis et la seconde à 05 semaines après semis sur les plantules dans chaque pot et ces deux inoculations ont été effectuées en fonction de leur stade de développement.

3.4. Evaluation du peuplement d'adventice

Un inventaire de l'ensemble des espèces d'adventices a été effectué. L'évaluation du peuplement de chaque espèce a été faite à partir de la détermination de la quantité de végétation. Le tableur EXCEL 2016 a été utilisé pour la saisie, l'arrangement des données et le calcul des fréquences. Un pool d'échantillon de feuilles a été constitué par espèce, par échantillon et par site pour être soumis au test DAS-ELISA.

3.5. Identification des espèces hôtes alternatifs du RYMV

Afin de déterminer la présence du virus dans les différentes espèces, les pools collectés ont ensuite été soumis au DAS-ELISA comme décrit par Clark et Adams (1977). Le principe du DAS-ELISA consiste à révéler les interactions spécifiques entre les antigènes et les anticorps grâce au marquage des immunoglobulines à l'aide d'enzymes telles que la phosphatase alcaline gouvernant une réaction colorée (Astier *et al.*, 2001). L'activité de la phosphatase alcaline est révélée par la transformation d'un substrat, le p-nitrophénylphosphate incolore en p-nitrophénol jaune. Pour cela, 0,2 g de chaque échantillon a été pesé et broyé dans du tampon antigène à la dose de 1/10 (1g pour 10 ml de tampon antigène). Ensuite, ces échantillons ont été transférés dans des tubes de 2 ml, centrifugés et conservés à 4°C pour la réalisation du test.

Le test DAS-ELISA a consisté à diluer des anticorps à large spectre préparés contre le RYMV dans du tampon carbonate de sodium 0,05M pH 9,6. Ces anticorps ont été incubés dans les puits (100 µl/puits) de la plaque de microtitration pendant 2 h à 37°C. Puis, 200 µl de lait écrémé a été ajouté dans chaque puit et incubé pendant 30 mn à 37°C pour saturer la plaque. Ensuite, les extraits de feuilles précédemment centrifugés et stockés à 4°C ont été incubés à 37°C pendant 2h. Suivi d'une incubation du conjugué IgG-anti-RYMV/Phosphatase alcaline dilué à 1/5000 dans le tampon anticorps à 37°C pendant 2h. Enfin, 100 µl/puit du substrat (para-nitrophenyl phosphate) additionné à 1 mg/ml dans le tampon diéthanolamine a été incubé pendant 1h à 37°C. Un lavage est fait avec du tampon PBS-T à raison de trois lavages de trois minutes à chaque étape.

Le lecteur de plaque de type Metertech Σ 960 a été utilisé pour la lecture à la densité optique d'absorbance (DO A405 nm). Le témoin sain utilisé était la variété de riz AZUCENA. Le test ELISA a été déclaré positif lorsque la densité optique (DO) de l'échantillon a été au moins supérieure à trois fois au seuil de détection. Le statut d'hôtes des adventices positifs au test ELISA a été confirmé en faisant une inoculation retour sur la variété de riz IR64 pour confirmer le postulat de Koch.

TROISIEME PARTIE
RESULTATS ET DISCUSSION

Chapitre 4 : RESULTATS ET DISCUSSION

I. RESULTATS

1.1. Caractérisation moléculaire des souches

1.1.2. Analyse moléculaire

L'analyse moléculaire a consisté à faire une amplification du gène de la protéine de capsid (CP), utilisé comme le marqueur de diversité chez le RYMV. L'amplification a permis d'obtenir une bande d'environ 1004 pb. Elle s'est caractérisée par l'obtention de bande d'amplification assez forte pour l'ensemble des isolats caractérisés avec une quasi absence de bande parasites. Les profils de migration électrophorétiques sont en parti illustrés dans la figure 15.

Le séquençage a permis d'éditer la séquence complète de la CP des 32 isolats du Burkina Faso et de la Côte d'Ivoire. Toutes les CP éditées étaient constituées de 720 nucléotides (nt) correspondant à 239 résidus d'acides aminés. La souche d'appartenance de chacun des isolats a été déterminée grâce au typage moléculaire basé sur la CP décrite par Fargette *et al.* 2002. Les résultats sont consignés dans le tableau V. Les isolats ont appartenu aux trois (03) souches Ouest africaines du RYMV S1, S2 et Sa. Tous les isolats de la Côte d'Ivoire se sont affiliés à la souche S2, tandis que ceux du Burkina Faso se répartissent entre les souches S1 et Sa. Cependant, on observe une prédominance de la souche S1 composée de 79% des isolats comparativement à la souche Sa qui ne représente que 21% des isolats. Ces derniers proviennent uniquement de la localité de Dédougou qui est située dans la région de la Boucle du Mouhoun, proche du Delta intérieur du Niger.

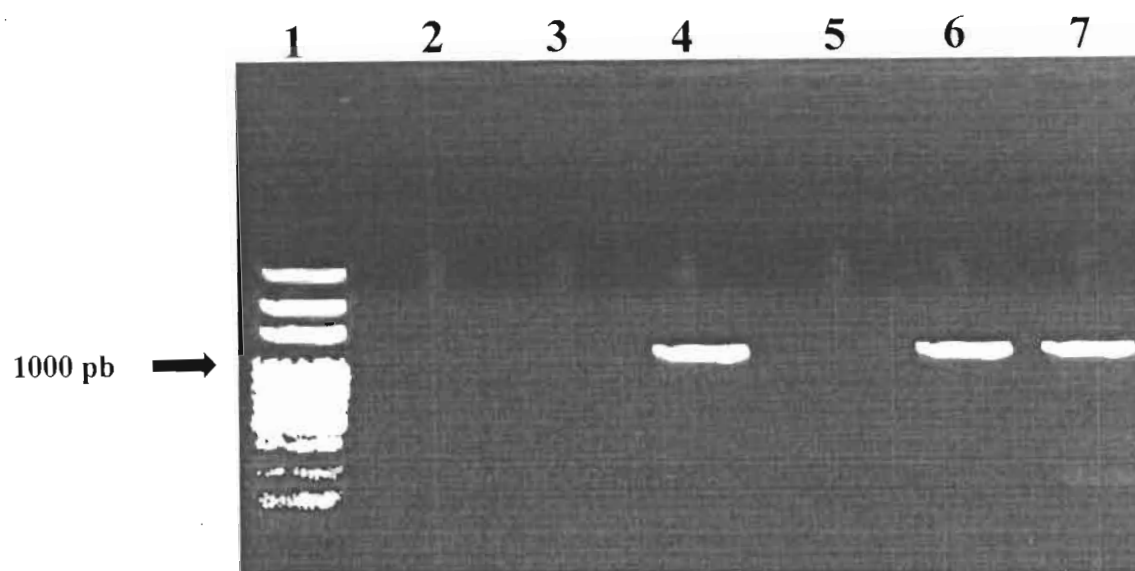


Figure 15 : Electrophorèse des produits d'amplification du gène de la CP sur gel d'agarose 1%.
 1 : marqueur de taille 1Kb DNA ladder (Invirtogen) ; 2 : témoin négatif utilisant l'eau à la place de l'ARN ; 3 : témoin négatif utilisant des ARN de feuilles saines ; 4 ; 5 ; 6 ; 7 représentent respectivement 4 échantillons Z1, T1, Y2, Gd2

Tableau V : Indentification des différentes souches d'appartenance des isolats

Code/Isolat	Code/Séquence	Souche d'appartenance	Localité de provenance	Pays
G10	BO1	S2		
G3	BO2	S2	Gagnoa	
G4	BO3	S2		
Y23	BO4	S2		
Y21	BO5	S2	Yamoussoukro	
Y2	BO6	S2		
D3	BO7	S2		Côte d'Ivoire
D1	BO8	S2	Divo	
Gd2	BO9	S2		
Gd1	BO10	S2	Guédou	
O30	BO11	S2	Oureyo	
B3	BO12	S2	Bouaké	
Da2	BO13	S2	Daloa	
A5	BO14	S1	Kienfanguin	
A2	BO15	Sa		
Z1	BO16	Sa		Burkina Faso
Z2	BO17	Sa	Dédougou	
Z3	BO18	Sa		

Tableau V (suite)

E13	BO19	S1	Tougouri
E10	BO20	S1	
R1	BO21	S1	Banzon
R17	BO22	S1	
R23	BO23	S1	
N1	BO24	S1	Banfora
N3	BO25	S1	
T1	BO26	S1	Vallée du kou
T2	BO27	S1	
T4	BO29	S1	
U19	BO30	S1	N'Dorola
U20	BO31	S1	
I10	BO32	S1	Bagré
Ic1	BO33	S1	Souroukoudinga

1.1.3. Analyse phylogénétique

1.1.3.1. Divergences nucléotidiques

L'alignement des séquences réalisé par la méthode des distances a permis de comparer les séquences deux à deux et de faire ressortir les similitudes entre elles. Le tableau VI présente les similitudes entre les séquences de la CP des isolats caractérisés. Ces résultats mettent en évidence une divergence nucléotidique assez variable entre les différentes séquences. Au Burkina Faso et en Côte d'Ivoire, la divergence nucléotidique entre les séquences a atteint 17,9%. Le taux de divergence nucléotidique le plus élevé a été enregistré entre les séquences correspondant à des isolats provenant de Guédou et de Tougouri (BO9/BO19). Le plus faible (0,0%) taux a été enregistré entre les isolats issus de Tougouri et de Bagré (BO20/BO32).

En s'intéressant à la divergence nucléotidique au sein de chaque pays, on note une diversité de l'ordre de 0,0 à 16,1% et de 0,6 à 6,2% entre les isolats du Burkina Faso et de la Côte d'Ivoire respectivement. Au Burkina Faso, le taux de divergence le plus faible (0,0%) a été enregistré entre les séquences de la souche S1 provenant de Tougouri et de Bagré (BO20/BO32). Il a été plus élevé (16,1%) entre les séquences provenant de Dédougou et de Tougouri (BO16/BO19) appartenant respectivement aux souches S1 et Sa (Tableau VII).

En Côte d'Ivoire, les séquences issues de Gagnoa et de Oureyo (BO1/BO11) ont enregistré les plus faibles taux de divergence (0,6%), par rapport à celles venant de Guédou et de Yamoussoukro (BO9/BO6) chez qui ce taux est le plus élevé (6,1%) (Tableau VIII).

Tableau VI : Divergences nucléotidiques (%) entre les différentes souches de RYMV du Burkina Faso et de la Côte d'Ivoire

BO20	BO29	BO30	BO31	BO16	BO17	BO18	BO32	BO25	BO22	BO23	BO27	BO11	BO4	BO5	BO3	BO9	BO2	BO13	BO14	BO15	BO12	BO19	BO6	BO21	BO24	BO26	BO33	BO7	BO1	BO8	BO10		
																																	BO20
6.5																																	BO29
6.5	2.0																																BO30
6.4	1.6	0.7																															BO31
8.8	8.9	7.8	8.6																														BO16
7.8	7.8	7.2	7.6	1.0																													BO17
7.6	7.6	7.0	7.5	1.1	0.1																												BO18
0.0	6.5	6.5	6.4	8.8	7.8	7.7																											BO32
7.2	2.6	3.5	3.1	9.2	8.0	7.8	7.1																										BO25
6.7	2.2	2.6	2.2	9.0	8.0	7.8	6.6	2.8																									BO22
5.7	1.1	1.6	1.1	8.3	7.3	7.1	5.8	2.5	1.69																								BO23
6.2	1.0	2.0	1.6	9.1	8.1	7.9	6.2	2.6	1.7	1.0																							BO27
7.6	6.7	6.7	6.8	5.8	4.7	4.5	7.6	6.2	7.0	6.2	7.0																						BO11
9.2	8.2	8.1	8.4	6.2	5.9	5.7	9.2	7.6	8.6	7.7	8.2	2.8																					BO4
7.8	6.8	6.8	7.0	5.6	4.5	4.4	7.8	6.2	7.3	6.4	6.8	1.3	2.1																				BO5
8.3	7.3	6.9	7.5	5.6	5.0	4.8	8.3	6.4	7.5	6.8	7.3	1.7	2.4	1.0																			BO3
11.3	10.6	11.2	11.0	7.5	7.9	7.8	11.4	9.0	10.4	10.0	10.5	6.1	6.4	5.6	5.8																		BO9
8.6	7.6	7.8	8.0	5.3	5.4	5.3	8.6	7.3	8.3	7.3	7.5	2.3	2.5	1.5	2.0	5.0																	BO2
8.7	7.9	7.8	7.9	5.8	5.9	5.7	8.8	7.3	8.3	7.3	7.8	2.7	2.4	2.0	2.4	5.5	1.0																BO13
7.6	6.3	5.7	5.6	11.9	11.2	11.0	7.6	5.9	6.2	5.6	6.0	9.1	10.6	9.9	9.7	13.6	10.8	10.8															BO14
8.4	8.6	7.8	8.3	0.6	1.0	8.0	8.4	8.8	8.6	7.9	8.7	5.4	6.0	5.2	5.7	6.7	4.6	5.1	12.3														BO15
8.3	7.0	7.2	7.5	6.1	5.5	5.3	8.3	5.9	7.5	6.5	7.0	3.1	3.5	2.7	2.3	4.4	3.7	3.9	9.4	6.4													BO12
12.2	10.6	10.6	10.4	16.1	14.8	14.6	12.3	10.5	12.3	10.1	10.6	13.5	14.9	13.7	14.2	17.9	14.9	14.6	12.2	15.4	14.9												BO19
7.6	7.2	7.0	7.3	5.5	4.5	4.4	7.6	6.6	7.7	6.7	7.2	1.5	2.7	1.1	1.4	6.2	2.1	2.5	10.0	5.5	2.8	14.4											BO6
7.1	1.4	2.4	2.4	8.8	8.1	7.9	7.2	3.5	2.9	2.0	2.4	7.3	8.6	7.5	7.0	11.6	8.6	8.6	6.4	9.1	7.0	11.1	7.7									BO21	
8.0	3.3	3.7	3.6	9.0	8.3	8.1	8.2	2.5	3.8	3.2	3.6	7.1	8.1	7.2	6.4	10.0	8.3	8.3	6.7	9.0	6.1	10.6	7.7	2.8								BO24	
6.5	1.6	2.5	2.2	9.1	8.3	8.1	6.5	3.1	2.2	1.6	0.6	7.5	8.7	7.3	7.7	11.0	8.0	8.3	6.3	9.3	7.1	11.2	7.1	2.4	3.9							BO26	
6.4	1.4	2.2	1.7	8.4	7.5	7.3	6.4	2.6	2.3	1.1	1.6	6.9	8.4	7.0	7.5	10.7	8.0	8.0	6.5	8.4	7.1	10.7	7.4	2.4	3.0	2.3						BO33	
7.9	6.5	7.2	6.9	6.2	5.1	5.0	8.0	5.8	7.4	6.4	6.5	2.8	3.7	2.4	2.8	5.2	3.1	3.6	10.4	5.8	2.3	14.1	3.0	7.5	7.1	7.0	6.7					BO7	
7.3	6.0	6.1	6.2	5.5	4.4	4.2	7.3	5.8	6.9	5.6	6.4	0.6	2.3	0.7	1.1	5.5	1.7	2.1	9.0	5.1	2.6	12.9	1.3	6.7	6.4	6.9	6.3	2.3				BO1	
8.0	6.1	6.7	6.6	6.1	5.0	4.8	8.0	5.6	6.6	5.6	6.1	3.0	3.7	2.3	3.0	4.9	3.6	3.7	10.1	5.7	1.8	13.9	3.1	7.0	6.6	6.6	6.3	1.5	2.4			BO8	
9.4	8.1	8.5	8.6	7.0	6.2	6.1	9.4	6.7	8.3	7.6	8.1	4.3	4.4	3.9	3.7	4.9	4.9	5.2	9.7	7.5	1.8	16.3	3.9	8.8	7.8	8.0	8.5	3.6	3.7	3.1		BO10	
BO20	BO29	BO30	BO31	BO16	BO17	BO18	BO32	BO25	BO22	BO23	BO27	BO11	BO4	BO5	BO3	BO9	BO2	BO13	BO14	BO15	BO12	BO19	BO6	BO21	BO24	BO26	BO33	BO7	BO1	BO8	BO10		

Tableau VII : Divergences nucléotidiques (%) entre les différentes souches de RYMV du Burkina Faso

	BO20	BO29	BO30	BO31	BO16	BO17	BO18	BO32	BO25	BO22	BO23	BO27	BO14	BO15	BO19	BO21	BO24	BO26	BO33	
BO20																				BO20
BO29	6,5																			BO29
BO30	6,5	2,0																		BO30
BO31	6,4	1,6	0,7																	BO31
BO16	9,1	8,9	7,8	8,6																BO16
BO17	8,1	7,8	7,2	7,6	1,0															BO17
BO18	8,0	7,6	7,0	7,5	1,1	0,1														BO18
BO32	0,0	6,5	6,5	6,4	9,1	8,1	8,0													BO32
BO25	7,2	2,6	3,5	3,1	9,2	8,0	7,8	7,1												BO25
BO22	6,7	2,2	2,6	2,2	9,0	8,0	7,8	6,6	2,8											BO22
BO23	5,7	1,1	1,6	1,1	8,3	7,3	7,1	5,8	2,5	1,6										BO23
BO27	6,2	1,0	2,0	1,6	9,1	8,1	7,9	6,2	2,6	1,7	1,0									BO27
BO14	7,6	6,3	5,7	5,6	11,9	11,2	11,0	7,6	5,9	6,2	5,6	6,0								BO14
BO15	8,7	8,6	7,8	8,3	0,6	1,0	0,8	8,8	8,8	8,6	7,9	8,7	13,3							BO15
BO19	12,2	10,6	10,6	10,4	16,1	14,8	14,6	12,3	10,5	11,3	10,1	10,6	12,2	15,4						BO19
BO21	7,1	1,4	2,4	2,4	8,8	8,1	7,9	7,2	3,5	2,9	2,0	2,4	6,4	9,1	11,1					BO21
BO24	8,0	3,3	3,7	3,6	9,0	8,3	8,1	8,0	2,5	3,8	3,2	3,6	6,7	9,0	10,6	2,8				BO24
BO26	6,5	1,6	2,5	2,2	9,1	8,3	8,1	6,5	3,1	2,2	1,6	0,6	6,3	9,3	11,2	2,4	3,9			BO26
BO33	6,4	1,4	2,2	1,7	8,4	7,5	7,3	6,4	2,6	2,3	1,1	1,6	6,5	8,4	10,7	2,4	3,0	2,3		BO33
	BO20	BO29	BO30	BO31	BO16	BO17	BO18	BO32	BO25	BO22	BO23	BO27	BO14	BO15	BO19	BO21	BO24	BO26	BO33	

Tableau VIII : Divergences nucléotidiques (%) entre les différentes souches de RYMV de la Côte d'Ivoire.

	BO11	BO4	BO5	BO3	BO9	BO2	BO13	BO12	BO6	BO7	BO1	BO8	BO10	
BO11														BO11
BO4	2,8													BO4
BO5	1,3	2,1												BO5
BO3	1,7	2,4	1											BO3
BO9	6,1	6,4	5,6	5,8										BO9
BO2	2,3	2,5	1,5	2	5									BO2
BO13	2,7	2,4	2	2,4	5,5	1								BO13
BO12	3,1	3,7	2,7	2,3	4,4	3,7	3,9							BO12
BO6	1,5	2,7	1,1	1,4	6,2	2,1	2,5	2,8						BO6
BO7	2,8	3,7	2,4	2,8	5,2	3,1	3,6	2,3	3					BO7
BO1	0,6	2,3	0,7	1,1	5,5	1,7	2,1	2,6	1,3	2,3				BO1
BO8	3	3,7	2,3	3	4,9	3,6	3,7	1,8	3,1	1,5	2,4			BO8
BO10	4,3	4,4	3,9	3,7	4,9	4,9	5,2	1,8	3,9	3,6	2,7	3,1		BO10
	BO11	BO4	BO5	BO3	BO9	BO2	BO13	BO12	BO6	BO7	BO1	BO8	BO10	

1.1.3.2. Arbre Phylogénétique

Les arbres phylogénétiques ont été construits selon la méthode dite du « neighborjoining » avec 1000 répétitions de bootstrap. Seuls les nœuds ayant un pourcentage supérieur ou égal à 50 % ont été retenus. L'isolat Tz3 de la Tanzanie appartenant à la souche S5 a été utilisé comme racine de l'arbre. La topologie de l'arbre phylogénétique construite à partir des isolats du Burkina Faso et de la Côte d'Ivoire a mis en évidence trois groupes homogènes correspondant aux trois souches ouest africaines du RYMV S1, S2, et Sa respectivement (Figure 16). Le premier groupe est constitué des isolats de souche S1 originaire de Tougouri, de Banzon, de Bagré, de la Vallée du Kou, de Banfora, Souroukoudinga et de N'Dorola. Le second groupe est constitué uniquement des isolats de la souche Sa, originaire de Dédougou (Boucle du Mouhoun). Le troisième groupe constitué d'isolats de la souche S2 regroupe exclusivement les isolats issus des localités de la Côte d'Ivoire. Toutefois, les souches S2 et Sa se sont montrés plus proches l'une de l'autre qu'avec la souche S1. Ces deux souches ont formé un groupe monophylétique constitué d'isolats du Burkina et de la Côte d'Ivoire.

L'arbre phylogénétique construit à partir des isolats du Burkina Faso montre un regroupement des isolats de la souche S1 en deux groupes distincts : S1-Soudanienne et S1-Soudano-sahélienne/Sahélienne (Figure 17). Le groupe S1-Soudanienne (Isohyètes 900-1200 mm) rassemble les isolats issus de la région Ouest du Burkina Faso : Banzon, Vallée du kou, Banfora, Souroukoudinga et N'Dorola. Les autres isolats issus des localités situées au centre et au nord notamment de Kienfanguin, de Bagré et de Tougouri se sont regroupés au sein du groupe S1-Soudano-sahélienne/Sahélienne situé entre les isohyètes 900-600 mm et 600-300 mm.

L'arbre phylogénétique construite à partir des isolats de la Côte d'Ivoire montre qu'ils forment un groupe homogène au sein de la souche S2 (Figure 18). En effet, on n'observe pas de regroupement des isolats au sein des groupes différents.

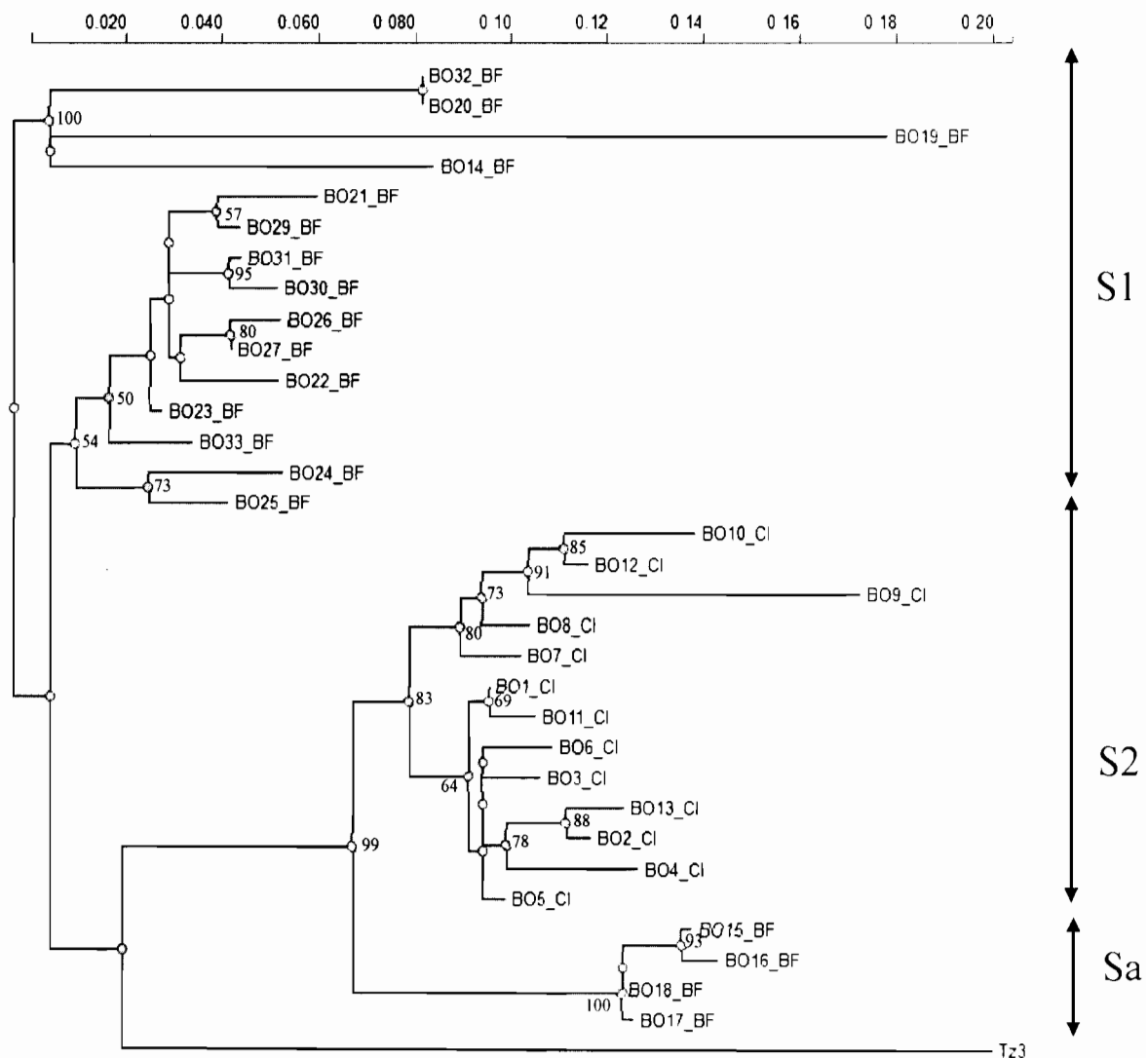


Figure 16 : Arbre phylogénétique indiquant l'appartenance des isolats testés du Burkina Faso et de la Côte d'Ivoire aux souches S1, S2 et Sa du RYMV

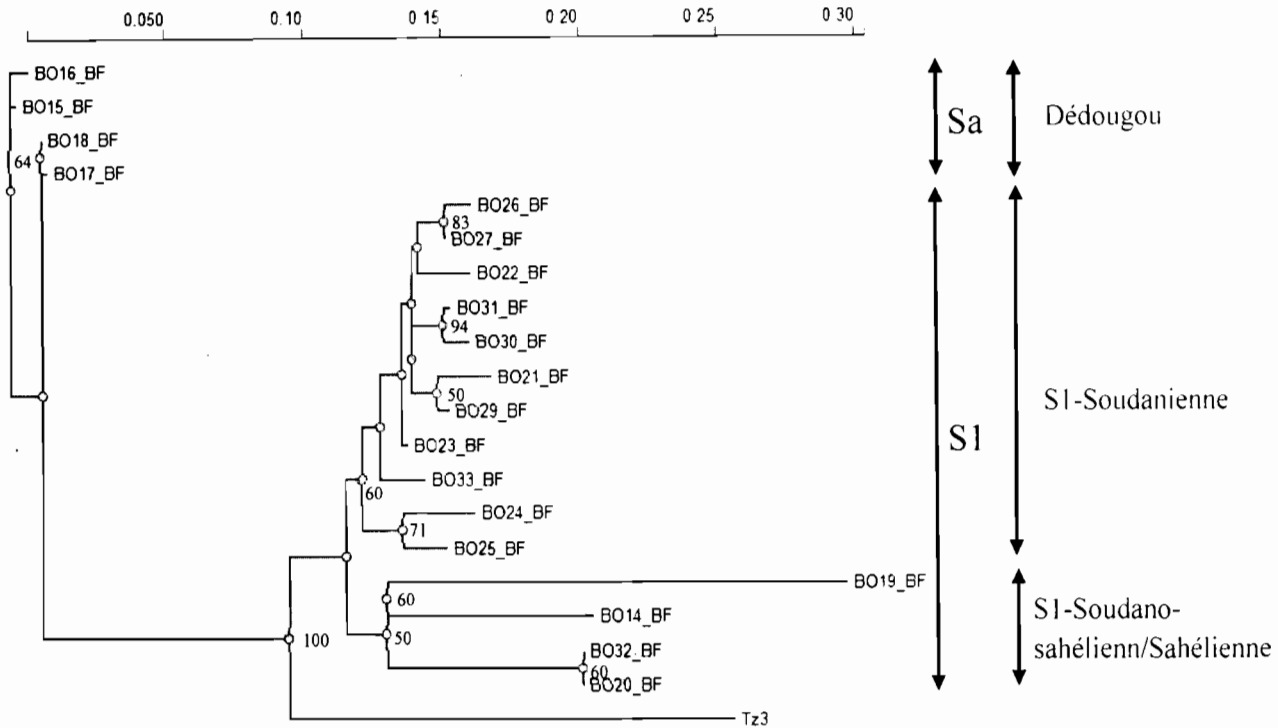


Figure 17 : Arbre phylogénétique indiquant l'appartenance des isolats testés du Burkina Faso aux souches S1 et Sa du RYMV.

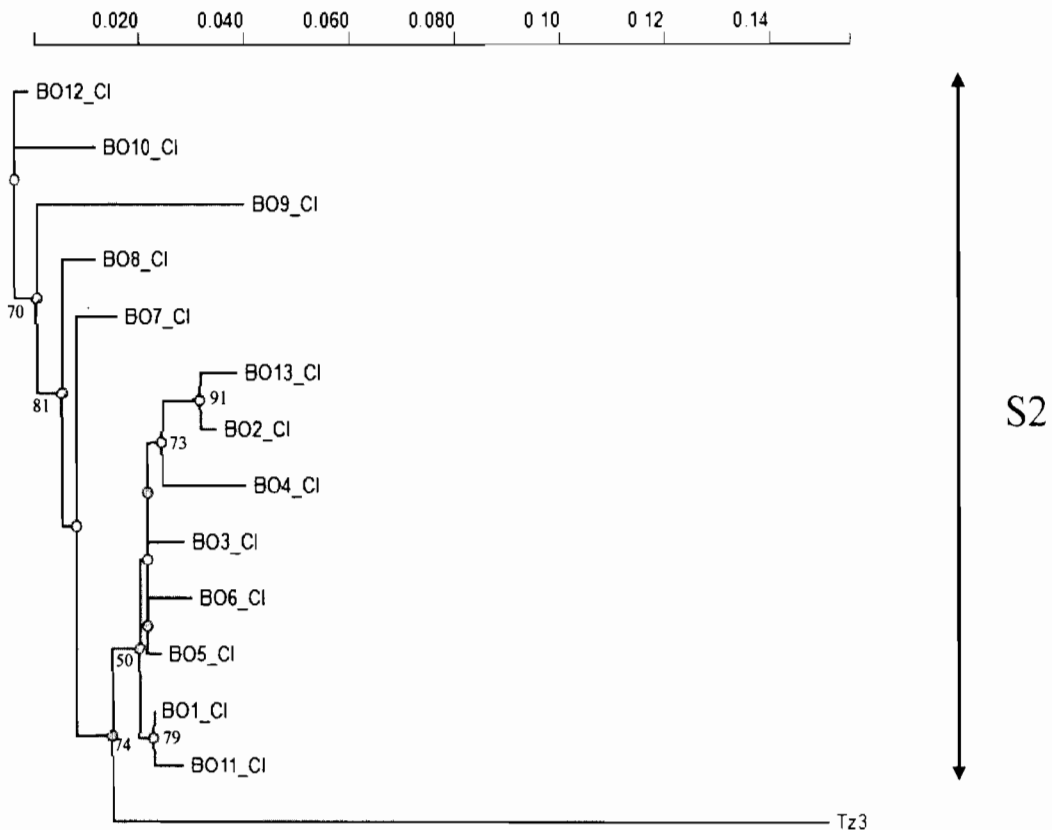


Figure 18 : Arbre phylogénétique indiquant l'appartenance des isolats testés de la Côte d'Ivoire aux souches S2 du RYMV.

1.2. Identification des variétés résistantes/tolérantes au RYMV

1.2.1. Délai d'apparition des symptômes (DAS) et Incidence du RYMV sur les variétés criblées

Nos résultats sur le délai d'apparition des symptômes (Tableau IX) montrent que les symptômes apparaissent généralement de façon précoce sur les variétés testées. En effet, 93% et 35% des variétés infectées par l'isolat R1 et Z1 respectivement, ont été précocement infectées (5 à 8 JAI). Les variétés FKR 70, E22 et ART346-10-2-1 n'ont cependant été infectées qu'à 11, 16 et 26 JAI, respectivement par l'isolat R1. Quant à l'isolat Z1, les dates d'apparition des symptômes sont assez diverses et varient entre 5 et 21 JAI. En outre, ce délai d'apparition des symptômes dépend de l'isolat viral (Tableau IX). En effet, pour une même variété le délai d'apparition varie en fonction de l'isolat. Par exemple, chez la variété ARC1-448-B-1 elle est de 0 et 21 JAI pour les isolats R1 et Z1 respectivement.

Le test ELISA réalisé sur les variétés asymptomatiques a permis de détecter la présence du virus à des densités optiques variables en fonction des variétés (Tableau IX). En effet, la densité optique a été faible (inférieure à 0,2 A405 nm) au niveau des variétés résistantes, tolérantes et quelques variétés sensibles. Elle est moyenne (entre 0,2 et 1 A405 nm) chez la variété sensible FKR19*TSF6-36 et élevée (supérieure à 1 A405 nm) au niveau de la variété moyennement sensible NAMCHE 2 et sensible NAMCHE 3.

En s'intéressant à l'incidence du RYMV, il ressort que le virus a un impact sur environ 93% des variétés testées. Le tableau X présente l'effet de la variété et de l'isolat sur l'incidence du RYMV à 14, 28 et 45 jours après inoculation (JAI). Cette incidence évolue de façon contrastée de 0 à 100% entre le 14^{ème} et le 45^{ème} JAI en fonction de la variété de riz. 14 JAI, vingt (20) variétés n'ont montré aucune infection vis-à-vis de l'isolat de Dédougou (Z1), tandis que six (06) n'ont pas été infectées par celui de Banzon (R1). A 45 JAI, le nombre de variétés infectées augmente considérablement avec 38 variétés infectées par l'isolat R1 et 37 variétés par Z1.

En se basant sur l'incidence de la maladie enregistrée, 33 variétés se révèlent être sensibles aux deux isolats, parmi lesquelles 24 ont enregistré des incidences de 100% à 45 JAI. En outre, les variétés sensibles ARC1-235-B-1, WAB2066-WAT21-1-B-1-TGR2, FKR19*TSF6-36, ART346-10-1-1, WAB2081-WAC2-2-TGR2WAT1-8-TGR3, WAB2104-WAC5-2-TGR1-BAT8-1, NAMCHE3, NAMCHE5 et FKR53 ayant une incidence de 100% à l'isolat R1 enregistrent des incidences allant de 15 à 85% lorsqu'elles sont infectées par l'isolat Z1. NAMCHE2 se révèle être une variété moyennement sensible à l'isolat Z1 et sensible à R1. La variété ART346-10-2-1 s'illustre être tolérante avec une note d'incidence de 5% aux deux

isolats tandis que la FKR61 et la ARC1-448-B-1 sont tolérantes spécifiquement à R1 et Z1, respectivement. FKR59 et FKR45 sont résistantes à l'isolat Z1. Mention spéciale faite aux variétés ART348-4-1-1, WAB2138-WACB-2-TGR2-WAT5-1, WAB2152-TGR2-WAT1-2 qui se sont révélées résistantes aux deux isolats avec une incidence de 0%.

L'incidence du RYMV dépend de l'isolat viral. En effet, le test de Student a montré une différence significative (p -value $< 0,05$) entre les deux isolats par rapport à leur note d'incidence.

Tableau IX : Délai d'apparition des symptômes et incidence du RYMV à 14, 28 et 45 JAI

Variétés	Délai d'apparition des symptômes (en JAI)		Incidence du RYMV (%)						Statut (45 JAI)	
			14 JAI		28 JAI		45 JAI			
	R1	Z1	R1	Z1	R1	Z1	R1	Z1	R1	Z1
ARC1-235-B-1	6	9	75	10	100	55	100	55	S	S*
ART346-10-2-1	26	17	0	0	5	5	5	5	T*	T*
ART349-1-1-1	6	8	100	30	100	100	100	100	S	S
WAB2066-WAT21-1-B-1-TGR2	7	6	100	30	100	75	100	75	S	S*
ARC1-432-B-1	7	8	100	45	100	100	100	100	S	S
FKR19*TSF6-36	7	10	30	5	100	50	100	70	S	S**
WAB2135-WACB-2-TGR3-WAT8-1	7	6	100	70	100	100	100	100	S	S
WAB2138-WACB-2-TGR2-WAT5-1	0	0	0	0	0	0	0	0	R*	R*
ART348-4-1-1	0	0	0	0	0	0	0	0	R*	R*
ART346-10-1-1	8	8	50	15	100	55	100	65	S	S*
ART347-9-1-1	8	15	65	0	100	100	100	100	S	S
ART346-10-4-1	7	15	100	0	100	95	100	100	S	S
WAB2066-WAT21-1-B-1-TGR3	6	6	100	55	100	100	100	100	S	S
ARC1-448-B-1	0	21	0	0	0	5	0	5	R*	T*
WAB2152-TGR2-WAT1-2	0	0	0	0	0	0	0	0	R*	R*
WAB2081-WAC2-2-TGR2WAT1-8-TGR3	6	16	100	0	100	40	100	55	S	S
WAB2081-WAC2-2-TGR2-WAT1-9-TGR3	6	15	100	0	100	100	100	100	S	S
ART29-6-62-1-4-1	5	9	100	20	100	100	100	100	S	S
FKR 19	5	15	100	0	100	100	100	100	S	S
WAB2104-WAC5-2-TGR1-BAT8-1	5	17	100	0	100	15	100	30	S	S*
ART347-8-2-1	5	15	100	0	100	100	100	100	S	S
ARC1-20-B-1	5	6	100	75	100	100	100	100	S	S
ART315-BC1-6	5	6	100	65	100	100	100	100	S	S
ART347-7-1-1	5	9	100	25	100	100	100	100	S	S
FKR 56N	5	9	100	25	100	100	100	100	S	S
ART347-1-1-1	5	9	100	15	100	100	100	100	S	S
ARICA 2 (CHECK)	6	6	100	100	100	100	100	100	S	S
FKR 62N	6	6	100	50	100	100	100	100	S	S
NERICA-L19(Check)	6	15	100	0	100	100	100	100	S	S
NAMCHE 2	7	10	45	0	100	0	100	15	S	MS***
NAMCHE 3	7	17	65	0	100	10	100	40	S	S***
NAMCHE 5	8	15	100	0	100	70	100	85	S	S
1189	6	8	100	45	100	100	100	100	S	S
E22	16	18	0	0	90	70	100	100	S	S
FKR 59	6	0	90	0	100	0	100	0	S	R*
FKR 61	5	5	70	5	100	5	100	5	S	T*
FKR 53	5	15	100	0	100	30	100	35	S	S*
FKR 55N	7	9	95	50	100	100	100	100	S	S
FKR 66	5	5	100	95	100	100	100	100	S	S
FKR 70	11	6	80	40	100	100	100	100	S	S
FKR 45N	5	0	100	0	100	0	100	0	S	R*
FKR 68	7	6	100	85	100	100	100	100	S	S

R : résistant ; T : tolérant ; MT : moyennement tolérant ; MS : moyennement sensible ; S : sensible

Sérodiagnostic : (*) = DO faible ; (**) = DO moyenne ; (***) = DO forte

JAI : Jour après inoculation

1.2.2. Effet du RYMV sur la teneur des feuilles en chlorophylle

Le RYMV a un effet sur la teneur en chlorophylle des variétés testées. L'analyse de variance du taux de réduction de la chlorophylle à 28 et 45 JAI montre qu'il y'a une interaction significative entre la variété et la date de mesure (Tableau X). En effet, la teneur en chlorophylle diffère significativement entre les variétés de riz. Ces mesures SPAD ont été effectuées à 28 et 45 JAI et l'analyse de variance a également montré une différence significative entre les dates de mesure ($P < 0,001$). Par contre, la teneur en chlorophylle ne dépend pas de l'isolat viral. L'analyse ne montre pas de différence significative entre les mesures SPAD des deux isolats viraux. Cependant, l'analyse de l'interaction variété-date de mesure montre qu'il existe une différence significative entre les deux paramètres. Ainsi, la teneur en chlorophylle est fortement influencée par la variété par rapport à la date de mesure.

Tableau X : Analyse de la variance du taux de la chlorophylle

Source de variation	ddl	Probabilité (P)
Isolat	1	0.124 ns
Variété	41	<0.001 s
Date de mesure	1	<0.001 s
Variété - Date de mesure	41	<0.001 s

ns : non significatif ; s : significatif au seuil de 5% ; ddl :degré de liberté

1.2.3. Impact du RYMV sur la hauteur des plantes

L'impact du virus sur la croissance, déterminée à maturité, s'est traduit dans l'ensemble par une réduction de la hauteur des plantes allant de 0,28 à 44,64% et de 0,07 à 38,38% respectivement pour les isolats R1 et Z1. Les plus importantes réductions ont été observées chez les variétés ART346-10-1-1 (44,49%) pour l'isolat R1 et WAB2135-WACB-2-TGR3-WAT8-1 (38,38%) pour l'isolat Z1. Elles sont plus faibles chez les variétés FKR66 (0,28%) et FKR59 (0,07%) vis-à-vis des isolats R1 et Z1, respectivement (Tableau XI). Toutefois, l'analyse statistique de la réduction de hauteur révèle qu'elle varie significativement (p -value < 0.05) en fonction de la variété et de l'isolat.

Tableau XI : Taux de réduction de hauteur des variétés vis-à-vis des deux isolats

Variétés	RI	ZI
ART346-10-1-1	44,64 a	21,51 i
FKR 70	44,08 a	23,84 g
FKR19*TSF6-36	40,41 b	0,51 p
FKR 45N	39,33 b	36,45 a
NAMCHE 3	39,22 b	13,98 m
ART347-9-1-1	36,22 c	29,02 c
WAB2066-WAT21-1-B-1-TGR2	34,75 d	36,90 a
WAB2135-WACB-2-TGR3-WAT8-1	34,68 d	38,38 a
ARC1-432-B-1	34,14 d	35,69 b
FKR 56N	34,09 d	35,91 b
NAMCHE 5	28,31 e	24,36 f
WAB2081-WAC2-2-TGR2-WAT1-9-TGR3	26,97 f	17,03 p
WAB2104-WAC5-2-TGR1-BAT8-1	26,66 g	11,74 n
ART347-8-2-1	25,10 h	22,16 h
ART347-1-1-1	23,94 h	10,96 o
FKR 55N	23,13 i	2,22 p
NAMCHE 2	22,91 i	0,40 q
ARC1-235-B-1	22,78 i	2,25 p
WAB2081-WAC2-2-TGR2WAT1-8-TGR3	21,67 j	17,03 p
1189	20,32 j	25,37 d
FKR 53	20,23 i	1,26 p
FKR 19	18,62 k	16,78 k
ART346-10-4-1	18,38 l	21,21 i
NERICA-L19(Check)	18,14 l	24,69 e
ART349-1-1-1	17,71 l	5,60 p
ARC1-20-B-1	17,65 l	14,25 l
FKR 62N	17,35 l	19,58 j
ART347-7-1-1	14,85 m	17,95 j
ART29-6-62-1-4-1	13,52 n	9,30 p
ARICA 2 (CHECK)	13,16 n	24,69 e
FKR 59	10,78 o	0,07 q
FKR 61	10,78 o	0,68 p
WAB2066-WAT21-1-B-1-TGR3	9,69 p	13,31 m
E22	9,49 p	6,69 p
FKR 68	8,24 q	1,39 p
ART315-BC1-6	4,58 q	0,39 q
ART346-10-2-1	2,50 q	6,93 p
ART348-4-1-1	1,67 q	1,99 p
WAB2138-WACB-2-TGR2-WAT5-1	1,44 q	1,32 p
WAB2152-TGR2-WAT1-2	0,78 q	0,32 q
ARC1-448-B-1	0,47 r	4,87 p
FKR 66	0,28 r	17,18 k
F	15,6770	10,0280
Probabilité	< 0,0001	< 0,0001
Signification	Significatif	Significatif

JAI : Jour après inoculation Les variétés affectées par les mêmes lettres ne diffèrent pas significativement selon le test de Fisher au seuil de 5%.

1.3. Inventaire des hôtes potentiels du virus dans les rizières infectées

1.3.1. Inventaire des adventices

En tout, 27 échantillons ont été collectés dont 8 à Banzon, 8 à la Vallée du Kou, 7 à Karfiguéla et 4 à Banfora. Aucune adventice n'a émergé dans le pot constitué uniquement de la terre stérilisée utilisé comme témoin de la stérilisation. L'inventaire de la flore adventice issue des échantillons de sol prélevés dans les quatre (04) sites prospectés a permis de dresser un répertoire des adventices de ces périmètres rizicoles. Le nombre total d'espèces enregistrées sur l'ensemble des quatre sites s'élève à 45 espèces, réparties entre les trois grandes familles que sont les *Poaceae*, les *Cyperaceae* et les Espèces à feuilles larges (Tableau XII). On dénombre 12 espèces de *Poaceae* et 7 espèces de *Cyperaceae*, ce qui représente 43% des adventices inventoriés. Tandis que la grande famille des Espèces à feuilles larges représente la famille la plus importante et renferme à elle seule 57% des adventices inventoriés se regroupant en 26 espèces réparties entre 17 familles botaniques. Ces espèces sont diversement représentées sur chaque parcelle en fonction des sites de prélèvement. Les photos 4 à 6 représentent quelques espèces répertoriées.

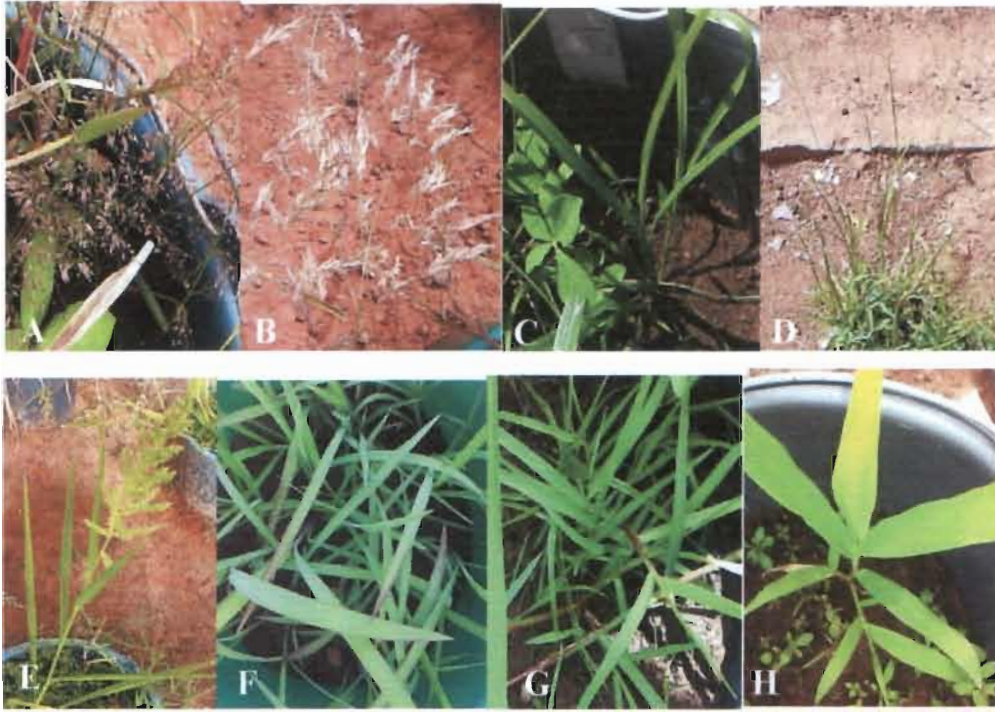


Photo 4 : *Poaceae* inventoriées.

A, *Eragrostis cilianensis*.; B, *Eragrostis tremula* ; C, *Oryza longistaminata* ; D, *Digitaria horizontalis* ; E, *Echinochloa colona* ; F, *Paspalum scorbiculatum* ; G, *Cynodon dactylon* ; H, *Bracharia lata*



Photo 5 : *Cyperaceae* inventoriées.

A, *Cyperus iria* ; B, *Cyperus difformis* ; C, *Lipocarpa chinensis* ; D, *Fimbrilistis littoralis*



Photo 6 : Espèces à feuilles larges inventoriées.

A, *Amarathus viridis* ; B, *Stachytarpheta angustifolia* ; C, *Aeshynomene afraspera* ; D, *Cloeme viscosa* ; E, *Euphorbia heterophylla* ; F, *Eclipta prostrata* ; G, *Ammania priureana* ; H, *Phylanthus amarus* ; I, *Euphorbia hirta* ; J, *Ludwigia abyssinica* ; K, *Beorhavia diffusa* ; L, *Euphorbia forskalii* ; M, *Portulaca oleracea* ; N, *Melochia corchorifolia* ; O, *Marsilea munita*

NB : Espèces non représentées : *Cloeme monophylla*, *Spilanthes uliginosa*, *Eleusine indica*, *Sida rhombifolia*, *Ipomea ericarpa*, *Alysicarpus rugosus*, *Triuphetta pentandra*, *Ludwigia hyssopifolia*, *Fimbristylis hispidula*, *Panicm laxum*, *Cyperus esculentus*, *Axonopus rugosus*, *Zornia glochidiata*, *Aeshynomene afraspera*, *Killinga tenuifolia*.

Tableau XII : Variabilité des espèces d'adventice par parcelle et par site

Espèces	SITES																												Total
	Banzon								Banfora				Karfiguéla								Vallée du Kou								
	B 1	B 2	B 3	B 4	B 5	B 6	B 7	B 8	BF A1	BF A2	BF A3	BF A4	K 1	K 2	K 3	K 4	K 5	K 7	K 8	VD K1	VD K2	VD K3	VD K4	VD K5	VD K6	VD K7	VD K8		
<i>Cloeme monophylla</i> Linnaeus	5	3				1																							
<i>Spilanthus uliginosa</i> Sw.	3	1											7				4						1		9			6	
<i>Eleusine indica</i> (Linnaeus) Gaertner		1																											
<i>Boerhavia diffusa</i> L.	3												1							1				1					
<i>Echinochloa colona</i> (L.) Link	3	7	7	5	8	3	5												1		7		11		13	3			
<i>Euphorbia hirta</i> Linnaeus	1	3		3	1			1												1			7						
<i>Sida rhombifolia</i> L.			1																										
<i>Amaranthus viridis</i> Linnaeus	1			5									2																
<i>Ipomea ericarpa</i> R. Brown	1																												
<i>Alysicarpus rugosus</i> (Willdenow) de Candolle	1																												
<i>Triumfetta pentandra</i> A. Rich.	2																												
<i>Oryza longistaminata</i> A. Chev. & Roehr.				7														3				1							
<i>Euphorbia heterophylla</i> Linnaeus			1																	1	2		2						
<i>Fimbristylis hispidula</i> (Vahl) Kunth subsp. <i>Hispidula</i>			1																										
<i>Ludwigia abyssinica</i> A. Rich				1			6						1	40	2			2		24	3	11	50		28	13	3		
<i>Eragrostis cilianensis</i> (Allioni) F. T. Hubbard				2	2	2			1	1	2		4	4	2				1							1	3		
<i>Stachytarpheta angustifolia</i> (MILLER) Vahl							1					2		40		4	4	2				41	40	30					

Tableau XIII (suite)

<i>Cleome sp</i>				1																							
<i>Fimbristylis littoralis Gand.</i>				2	6			2	11	1		2	1	25		2			22			26		33	28	23	38
<i>Cleome viscosa Lannaeus</i>					2			3										2		5							
<i>Panicum laxum Sw.</i>				4																							
<i>Euphorbia forskalii J. Gay</i>						2	2							1	2												
<i>Portulaca oleracea Linnaeus</i>							1	0				4	1	1							2	1					
<i>Cyperus iria L.</i>						1	0							4		6											
<i>Zornia glochidiata Reichenbach ex de Candolle</i>												1	4					1			1						
<i>Marsilea munita L.</i>	1																										
<i>Melochia corchorifolia L.</i>								2	3											4							
<i>Paspalum scorbiculatum Linnaeus</i>								18	2				2		6								1				
<i>Phylanthus amarus Schumacher et Thoning</i>							1					2	2						5		1	3					
<i>Aeschynomene afraspera J. Léonard</i>												1	4	3			3			3		1					
<i>Ammannia priourea Guill. & Perr.</i>												3	1				1			3							
<i>Digitaria horizontalis Willdenow</i>													2														
<i>Kyllinga tenuifolia Steudel</i>														1												4	
<i>Ludwigia hyssopifolia (G. Don) Exell</i>								4	1	14	8							1				3					
<i>Cyperus difformis L.</i>								34	5	16				4							11		1				
<i>Cynodon dactylon (L.) Pers.</i>																							2	5	8		
<i>Cyperus esculentus linnaeus</i>				4															30		7		1				
<i>Panicum subalbidum Kunth</i>																		1									
<i>Pennisetum sp</i>																		7									

1.3.2. Fréquences des *Poaceae* et *Cyperaceae*

Il ressort que la fréquence des espèces varie d'un site à un autre et entre les parcelles d'un même site. Sur les quatre sites confondus, l'inventaire nous a permis de distinguer une prédominance des *Cyperaceae* constituées 30% contre 13% de *Poaceae* (Figure 19). Cependant, la famille des *Poaceae* est plus diversifiée et se compose des espèces suivantes : *Eleusine indica*, *Echinochloa colona*, *Oryza longistaminata*, *Eragrostis cilianensis*, *Panicum laxum*, *Paspalum scobiculatum*, *Digitaria horizontalis*, *Panicum subalbidum*, *Penisetum sp.*, *Eragrostis tremula*, *Cynodon dactylon* et *Anxonopus compressus*. Pendant que les *Cyperaceae* sont représentées par : *Cyperus esculentus*, *Cyperus iria*, *Cyperus difformis*, *Fimbristylis littoralis*, *Fimbristylis hispidula*, *Killinga tenuifolia* et *Lypocarpa chinensis* (Figure 20). Toutefois, on note une forte fréquence de *Cyperus difformis* à Banfora chez les *Cyperaceae* et parmi les *Poaceae* c'est *Echinochloa colona* à Banzon qui présente la plus forte fréquence. *Fimbristylis littoralis* est présente à des fréquences remarquables (supérieur à 10%) sur l'ensemble des quatre sites.

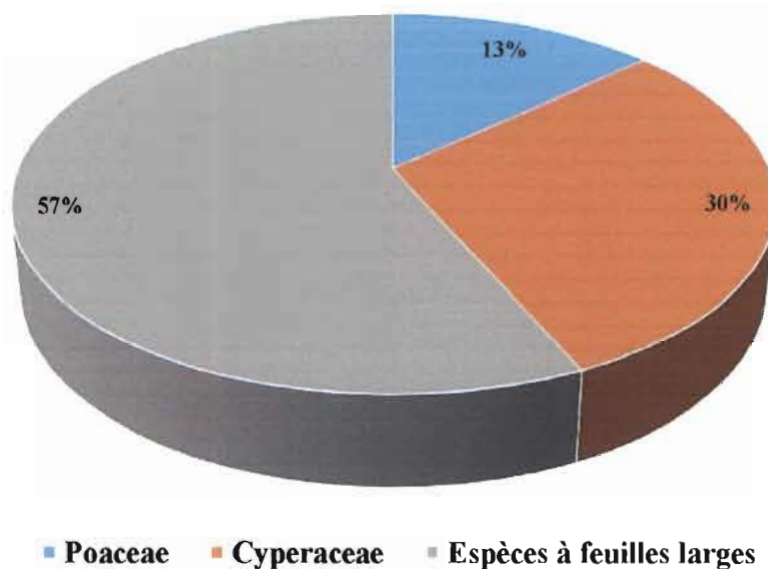


Figure 19 : Proportion des espèces suivant les grands niveaux taxonomiques dans les quatre sites confondus

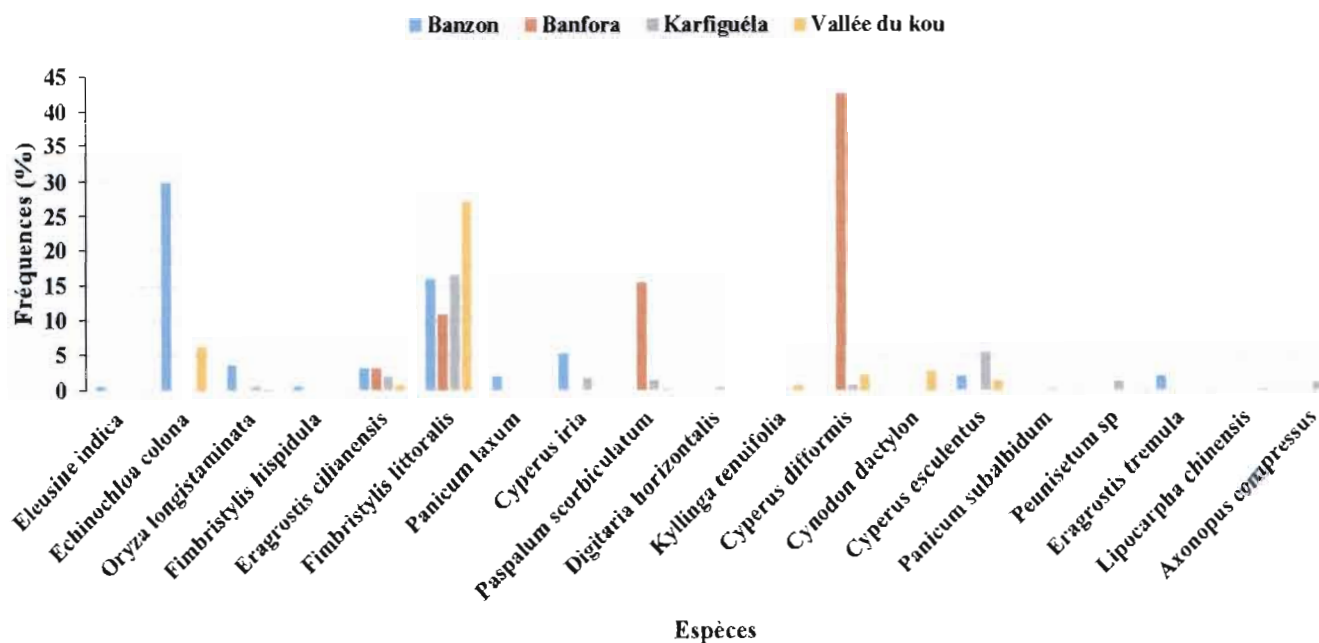


Figure 20 : Fréquence des *Poaceae* et *Cyperaceae* en fonction des sites

1.3.3. Identification des adventices hôtes du RYMV

1.3.3.1. Symptomatologie

Les observations de la réaction foliaire des adventices a permis d'identifier des symptômes caractéristiques du RYMV chez trois (03) espèces de *Poaceae* (Tableau XV). En effet, de la mosaïque et des bandes chlorotiques ont été observées chez *Echinochloa colona* avec l'isolat de Banzon (R1) et de la Vallée du Kou (T1). *Eragrostis cilianensis* a présenté des panachures jaunes dans les sites où il a été identifié (Banzon, Banfora, Karfiguéla). *Oryza longistaminata*, quant à lui a présenté des tâches nécrotiques lorsqu'elle a été inoculé par les isolats de Banzon (R1) et de Karfiguéla (N1). Par la suite, ces tâches nécrotiques ont viré au jaunissement conduisant ensuite à la mort de la plante.

1.3.3.2. Test ELISA

L'utilisation du DAS-ELISA pour détecter la présence du virus dans les échantillons de feuilles collectées a permis de signaler le RYMV chez sept (07) espèces d'adventice, considérés comme hôtes expérimentaux du virus dans les périmètres prospectés. Les espèces indexées appartiennent principalement à deux familles : les *Poaceae* et les *Cyperaceae* (Tableau XIII). Parmi les *Poaceae* quatre (04) espèces *Oryza longistaminata*, *Echinochloa colona*, *Eragrostis cilianensis*, *Cynodon dactylon* se révèlent hôtes du RYMV. Au sein de la famille des

Cyperaceae, trois (03) espèces *Cyperus iria*, *Kyllinga tenuifolia* et *Cyperus difformis* ont été identifiés comme hôtes du RYMV. Toutefois, le nombre d'espèces hôte du RYMV varie d'un site à l'autre. A Karfiguéla, 04 espèces ont été identifiées comme hôtes contre 03 espèces à Banzon et à la Vallée du kou et 01 espèce à Banfora. *Eragrostis cilianensis* demeure l'hôte majeur car elle a été infectée par les isolats de 03 sites (Banzon, Banfora et Karfiguéla).

Tableau XIII : Espèces hôtes du RYMV identifiées dans les sites prospectés

Familles	Espèces (Sites)	Typologie des symptômes	Détection du RYMV par ELISA
Banzon			
<i>Poaceae</i>	<i>Echinochloa colona</i>	Mosaïque, bande chlorotique	1/7
	<i>Oryza longistaminata</i>	Taches nécrotiques, Jaunissement	1/1
	<i>Eragrostis cilianensis</i>	Panachure jaune	2/3
Banfora			
<i>Poaceae</i>	<i>Eragrostis cilianensis</i>	Panachure jaune	2/3
Karfiguéla			
<i>Poaceae</i>	<i>Oryza longistaminata</i>	Taches nécrotiques, Jaunissement	1/1
	<i>Eragrostis cilianensis</i>	Panachure jaune	2/4
<i>Cyperaceae</i>	<i>Cyperus iria</i>		1/2
	<i>Cyperus difformis</i>		1/2
Vallée du kou			
<i>Poaceae</i>	<i>Echinochloa colona</i>	Mosaïque, bande chlorotique	1/4
	<i>Cynodon dactylon</i>		1/3
<i>Cyperaceae</i>	<i>Kyllinga tenuifolia</i>		1/1

II. DISCUSSION

2.1. Caractérisation moléculaire des souches de RYMV

Notre étude a permis d'appréhender la diversité du virus de la panachure jaune du riz en Afrique de l'Ouest. Elle a mis en évidence la présence des trois souches Ouest africaines du RYMV S1, S2 et Sa au Burkina Faso et en Côte d'Ivoire. Ces résultats corroborent ceux de Sorho *et al.* (2005), Traoré *et al.* (2005) et Sérémé *et al.* (2010) qui ont montré que ces trois souches font partie de celles que l'on retrouve en Afrique de l'Ouest.

Le regroupement des isolats du Burkina Faso en deux groupes S1-Soudanienne et S1-Soudano-sahélienne/Sahélienne pourrait s'expliquer par la différence climatique qui existe entre les zones. En effet, du fait de sa continentalité et de sa position à la lisière du Sahara, le Burkina Faso dispose d'une forte variabilité de son climat. La souche S1-Soudanienne se trouve dans la zone soudanienne. Cette zone se caractérise par une pluviométrie variant entre 900 et 1200 mm d'eau/an, des températures comprises entre 12 et 38°C et une saison pluvieuse de 4 à 6 mois. Les conditions climatiques y sont plus favorables (GE-eau, 2004). Quant à la souche S1-Soudano-sahélienne/Sahélienne, elle se trouve dans les zones Soudano-sahélienne et Sahélienne avec des pluviométries variant entre 600-900 mm et 300-600 mm d'eau/an respectivement (PANA, 2007). Les températures varient entre 13 à 40° C dans la zone Soudano-sahélienne (4-5 mois de pluie) et 10 à 45° C dans la zone Sahélienne (3 mois de pluie). Des résultats similaires ont été obtenus par Sorho (2005) et Pinel Galzi *et al.* (2015) qui en travaillant respectivement sur la biogéographie et la phylogénie du RYMV ont mis en évidence une adaptation des isolats en fonction des conditions agro-climatiques. Toujours au Burkina Faso, on observe une prédominance de la souche S1 par rapport à la souche Sa. Cette prédominance pourrait s'expliquer par le fait que le Burkina Faso est un pays sahélien à dominance de savane d'où l'appartenance de 79% de ses isolats à la souche de savane S1. Ces résultats sont en concordance avec ceux de Traoré (2005). Ces auteurs ont montré au cours de leur étude sur l'écologie du RYMV en zone soudano-sahélienne, la prédominance la souche S1 en zone de savane.

Cependant, seuls les isolats issus de la localité de Dédougou dans la boucle du Mouhoun appartiennent à la souche Sa. En effet, cette région proche du Delta du Niger, a été signalée par les études de Traoré (2005) comme étant un centre secondaire de diversification du RYMV. Cette situation est probablement liée à l'histoire de la domestication et de la culture du riz dans cette région, ce qui a dû créer des conditions favorables à une diversification du RYMV.

Douamba (2015) a retrouvé des résultats similaires dans son étude sur la caractérisation moléculaire du RYMV où tous les isolats de Dédougou appartiennent également à la souche Sa.

En outre, tous les isolats collectés en Côte d'Ivoire appartiennent à la souche S2. Cette situation peut s'expliquer par le fait que la Côte d'Ivoire est un pays à dominance forestière d'où l'appartenance de tous les isolats à la souche de forêt S2. Ces résultats sont en accord avec ceux de N'Guessan *et al.*, 2000 qui ont montré une forte prédominance de la souche S2 sur la souche S1 en Côte d'Ivoire.

Cependant, des études rapportent l'existence des souches S1 et S3 en Côte d'Ivoire (N'Guessan *et al.*, 2000, Fargette *et al.*, 2004, Sorho, 2005) et de la souche S2 au Burkina Faso (Traoré *et al.*, 2005 ; Sorho, 2005, Sérémé *et al.*, 2010). Cela peut s'expliquer d'une part du fait de l'évolution des différentes souches en fonction des zones écologiques comme décrit précédemment ; et d'autre part par le faible nombre d'échantillon et de localité de collecte. Pour ce qui concerne la souche S3 identifiée en Côte d'Ivoire, elle se trouve être adaptée aux zones de mangrove (Sorho, 2005).

L'analyse de la divergence nucléotidique des séquences prises deux à deux montre qu'il existe une diversité entre les différentes souches caractérisées au cours de notre étude. Ces résultats corroborent ceux de Pinel *et al.* (2000) et Abubakar *et al.* (2003) qui ont mis en évidence des divergences nucléotidiques entre les isolats au cours de leur étude sur la diversité moléculaire du RYMV.

Au cours de notre étude, des divergences nucléotidiques ont été enregistrées entre les différents isolats. Les taux de divergences nucléotidiques les plus élevées sont enregistré entre des isolats appartenant à des souches différentes S2 et S1 provenant respectivement de la Côte d'Ivoire et du Burkina Faso. Il est plus faible entre deux isolats de la même souche S1 du Burkina Faso. Ces résultats sont en concordance avec ceux de Pinel *et al.* (2000) qui ont montrés que la divergence nucléotidique est plus élevée lorsque les deux isolats appartiennent à deux souches différentes et plus faible lorsqu'ils sont de la même souche. Toutefois les taux de divergences ne sont pas toujours corrélés aux distances géographiques comme l'a suggéré Avise (2000). En effet, dans notre étude ils ne sont pas toujours faibles pour les isolats de courte distance géographique et élevé pour les isolats les plus distants. Des résultats semblables ont été obtenus par Abubakar *et al.* (2003) qui ont constaté que la localité de Morogoro quoique moins distante (inférieure à 500 km) de Pemba et de Mbeya a enregistré les plus forts taux de divergence. En effet, ces isolats ont différé de 11,8 – 12, 5% de ceux de Pemba et de 9 – 10% de ceux de Mbeyi par rapport aux taux de divergence entre les autres localités qui ont été plus

faibles. Dans notre cas, ces résultats pourraient s'expliquer par le fait que la distribution du virus en Afrique de l'Ouest présente une expansion géographique récente (Ray *et al.*, 2003). Les aires de distribution sont vastes et se recouvrent parfois.

2.2. Identification des variétés résistantes/tolérantes au RYMV par criblage variétal

L'un des premiers réflexes qui a prévalu dans la lutte contre la panachure jaune du riz a été la recherche de sources de résistance dans l'optique de la lutte génétique. Cette méthode pratique pour les producteurs a été envisagée pour la gestion de plusieurs pathogènes du riz (Leung *et al.*, 2003). L'analyse de nos résultats sur l'incidence du RYMV a montré que le virus a un impact sur la plupart des variétés de riz testées. Parmi 42 variétés testées, 33 se sont révélées sensibles aux deux isolats, contre seulement 03 variétés résistantes. Une seule variété s'est révélée tolérante aux deux isolats, une s'est montrée tolérante spécifiquement à celui de Dédougou (Z1) et une autre variété à celui de Bazon (R1). Ces résultats confirment une fois de plus la sensibilité de la majeure partie des variétés de riz vis-à-vis du RYMV. Cette sensibilité de la majeure partie des variétés de riz a été signalée par plusieurs auteurs (Thottapilly et Roosel, 1993 ; Konaté *et al.*, 1997 ; Koassi *et al.*, 2005, Sérémé *et al.*, 2016b). De plus, Amancho *et al.* (2008) ont montré que la panachure jaune est connue prédominante sur le riz de bas-fond en Côte d'Ivoire. Dans notre étude, 29 des variétés testées proviennent des bas-fonds rizicoles de Banfora. Parmi ces variétés, 24 ont été déclarées sensibles à l'un ou l'autre ou aux deux isolats. Cependant, cela reste contradictoire au Burkina Faso où la maladie est connue prédominante dans les périmètres irrigués. Cette récurrence de la sensibilité de la quasi-totalité des variétés de riz au RYMV interpelle sur l'importance de la contrainte que représente la maladie pour la riziculture africaine. Dès lors, il s'avère nécessaire de perpétuer les travaux de création, d'introduction et de criblage de nouvelles variétés pour leur résistance/tolérances au RYMV.

Parmi les variétés testées au cours de notre étude, trente-un appartiennent à l'espèce *Oryza sativa*. Vingt-quatre se sont montrées sensibles à nos deux isolats. La sensibilité de ces variétés vis-à-vis de nos isolats pourrait être liée à leur origine qui se trouve être différente de celle des isolats. En effet, *O. sativa* dérive de *O. rufipigon* originaire d'Asie et s'est diversifiée pour donner les sous-espèces *O. sativa indica* et *O. sativa japonica* (Glazmann, 1987). Pourtant, les isolats utilisés pour tester les variétés appartiennent aux deux souches ouest africaines S1 et Sa. Ce qui expliquerait la forte sensibilité des variétés de cette espèce. Toutefois, six variétés de

cette même espèce ont cependant été résistantes au cours de notre étude. En effet des sources de résistance partielles et élevées (allèles *rymv1-1* et *rymv1-2*) ont été observé chez certaines variétés de l'espèces *O. sativa* (Albar *et al.*, 2003 ; Albar *et al.*, 2006). De plus, des résultats similaires ont été obtenus par plusieurs études qui ont montré des résistances chez certaines variétés de l'espèce *O. sativa*. Sérémé *et al.* (2016b) a montré que NIL 16 et NIL 130 de la sous-espèce *O. sativa indica* sont résistants à un isolat de la souche S1 du Burkina Faso.

Le délai d'apparition des symptômes révèle une infection précoce des variétés vis-à-vis de nos deux isolats. La quasi-totalité des variétés a été infecté de façon précoce entre 5 et 11 jours après inoculation Ce qui témoigne de l'agressivité de ces isolats signalé par Doamba (2015) et du bon choix de ces isolats pour notre étude. Ce paramètre serait idéal dans le choix des variétés pour une perspective de vulgarisation des variétés de riz. En effet, pour deux variétés résistantes celle dont le délai d'apparition des symptômes est plus élevé constitue donc la meilleure pour la vulgarisation. Soko *et al.* (2010), au cours de son étude sur l'effet de l'âge sur l'expression génétique de la résistance, ont montré que lorsque les variétés étaient infectées tardivement cela a moins d'impact sur les paramètres tels que le taux de croissance viral, la teneur en chlorophylle et le rendement.

La notation des variétés à 14 JAI peut être utilisée en tant que paramètre de mesure de la résistance partielle au RYMV comme rapporté par Roumen (1993). Cet auteur, en travaillant sur la pyriculariose foliaire du riz a montré que cette date diffère selon le génotype. Des quarante-deux variétés testées, vingt ont enregistré des incidences de 0 % à cette date lorsque l'isolat Z1 a été utilisé et six à l'isolat R1. Ces variétés ont été classées partiellement résistantes car n'ayant présenté aucun symptôme caractéristique du RYMV. Cette absence de virus a été confirmée par ELISA. Cet état de fait, laisse supposer que ces variétés asymptomatiques à 14 JAI présentent des sources de résistance contre le RYMV. Ces résultats concordent avec ceux de Amancho *et al.*, 2009. Ces auteurs ont montré que les variétés ayant observées un retard dans l'expression des symptômes de virose à 14 JAI, refermaient des sources de résistance partielle qui pourront être utilisées dans la lutte contre le RYMV. Les variétés résistantes à cette date constituent donc un avantage exploitable dans les perspectives de création variétale. Elles pourraient servir de fonds génétiques pour la création de lignées ou de variétés à résistances pyramidées. L'intégration du gène de la résistance élevée (*rymv1*) à cette résistance partielle observée chez ces variétés pourrait être un atout majeur dans la lutte contre le RYMV. En effet, la tendance actuelle dans la lutte contre le RYMV est la création de variétés cumulant la résistance partielle et la résistance élevée. Cette stratégie a beaucoup été documentée par N'djiondjop *et al.*, 1999 et Albar *et al.*, 2006. Toutefois, des symptômes ont été observés par la

suite chez la majorité de ces variétés. L'apparition ultérieure des symptômes pourrait être attribuer soit à la nature (virulence) des isolats utilisés, soit à un contournement de la résistance partielle de ces variétés. Des résultats similaires ont été rapporté par Amancho *et al.*, 2009.

Des différences significatives ont été enregistré en fonction de l'isolat de RYMV utilisé, pour ce qui concerne l'incidence. Ces résultats mettent en relief la variabilité pathogénique entre les différents isolats. En effet, les différents types de virus de la panachure jaune du riz sont connus sous le nom de pathotypes qui se distinguent les uns des autres par la variabilité dans leur virulence et leur agressivité (Sorho, 2005). De ce fait, une variété résistante à un pathotype dans une localité donnée peut-être sensible dans une autre en présence d'un autre isolat. Par exemple, la variété de riz NIL 2 a été déclaré sensible au Burkina Faso (Séréme *et al.*, 2016b), résistante au Bénin (Jaw, 2010 ; Ndjiondjop *et al.* 2013) et résistante en Côte d'Ivoire (Bouet *et al.* 2013). Cette réponse différentielle suggère que la pression du pathogène n'est pas la même partout. En effet, les deux isolats sont issus des localités différentes, Banzon (R1) et Dédougou (Z1), et appartiennent à des souches distinctes qui sont respectivement les souches S1 et Sa. Cette variabilité pathogénique des isolats du RYMV a été également été mise en évidence par les travaux de N'Guessan (1999) et de Sorho (2005). Dès lors, il s'avère important de poursuivre les travaux de criblage variétal vis-à-vis des différents pathotypes de RYMV.

Les variétés de riz pluvial NERICA L19 et ARICA2 (Nouvelle variété de riz avancée pour l'Afrique), présumées résistantes à la plupart des importantes maladies du riz en Afrique (WARDA, 2006), se sont cependant montrées sensibles au RYMV à l'issu de nos travaux. En plus de l'agressivité des isolats, la dose et la méthode d'inoculation, cette sensibilité pourrait dépendre d'une part du changement d'écosystème, et d'autre part de la sensibilité au virus, probablement apportée par l'un des parents de cette nouvelle variété. En effet, NERICA L19 est issu d'un croisement entre TOG5681 (*Oryza glaberrima*) résistante aux maladies et IR64 (*Oryza sativa*) à haut potentiel de rendement (WARDA, 2006) mais signalé par Sow (2012) comme étant hautement sensible au RYMV. Des résultats similaires ont été obtenu par Amancho *et al.* (2009), où la variété NERICA1 communément appelée Bonfani supposée résistante s'est montrée hautement sensible au cours de leurs travaux. La variété ARICA2 développé dans l'optique d'offrir des perspectives prometteuses, dont la résistance aux maladies, au secteur rizicole africain reste cependant prédisposée aux écologies rizicoles du Mali et du Nigéria (AfricaRice, 2014). La sensibilité de cette variété pourrait donc s'expliquer du fait d'un changement d'écosystème et d'isolat.

Les variétés FKR19 et FKR62N se sont montrées sensibles face à nos deux isolats au cours de notre étude. De plus, la FKR45N s'est révélée être sensible à l'isolat Z1. Ces résultats corroborent ceux obtenus par Sérémé *et al.* (2016b) qui ont montré que ces mêmes variétés sont sensibles au virus de la panachure jaune du riz.

Des réductions significatives de la teneur en chlorophylles dues au RYMV ont été observées chez les variétés criblées. Ces résultats laissent paraître que le virus s'attaque à la chlorophylle des plantes infectées. En effet, la réduction de chlorophylle due au virus chez de nombreuses plantes a été rapportée par plusieurs auteurs (Ayanru et Sharma, 1982 ; Sheffield, 1993 ; Zinga *et al.*, 2016). Sheffield (1993), a signalé que lorsque *Aucuba mosaic virus* infecte les feuilles de tomate, il détruit la chlorophylle et cause des chloroses. Les travaux d'Ayanru et Sharman (1982) et de Zinga *et al.* (2016), ont également montré que les feuilles de manioc infectées par le virus de la mosaïque étaient moins concentrées en chlorophylles que les feuilles saines. Toutefois l'effet du virus sur la teneur en chlorophylle varie significativement d'une variété à l'autre et en fonction du stade de développement de la plante (Soko *et al.*, 2010, 2016). Ussian *et al.* (2014) a rapporté une réduction de la teneur en chlorophylle tout au long du développement de la plante entre les variétés de riz. Elle a également été plus faible chez les plantes sensibles au *Cowpea Aphid Borne Mosaic Virus* (CABMV) et plus élevée pour les plantes résistantes (Dhanasekar et Reddy, 2015). De ce qui précède, il ressort que pour une même variété, l'évaluation de la réduction de la teneur en chlorophylle entre une plante malade et une saine pourrait donc être utilisée comme un important outil de diagnostic de la panachure jaune du riz. Les études conduites par Chang *et al.* (2015) soutiennent cette idée. Ces auteurs ont développé des méthodes de diagnostic des maladies du concombre basées sur l'évaluation de la teneur en chlorophylle. Dès lors, la présente étude mérite un approfondissement de cet aspect de diagnostic qui, s'il est éprouvé est très rapide, facile à mettre en place et respecte l'environnement (pas d'utilisation de produits chimiques).

L'infection des différentes variétés par le RYMV se traduit par une réduction significative de la hauteur des plants à maturité. En outre, l'analyse statistique a révélé que cette réduction varie significativement entre les variétés testées. Nos résultats corroborent ceux de Amancho *et al.* (2009) et Zouzou *et al.* (2008) qui ont également mis en évidence une réduction significative de la hauteur des plants due au RYMV variant en fonction des variétés. Par ailleurs, il a été constaté que la réduction de la hauteur est liée également à l'isolat viral. Cela pourrait s'expliquer par la différence de virulence et d'agressivité qui existe entre les isolats du RYMV (Sorho, 2005 ; Sérémé *et al.*, 2016b).

Des infections asymptomatiques ont été mis en évidence au cours de nos travaux. Ces types d'infections ont également été observés chez des cultivars de riz et des plantes hôtes par Bakker (1974) ; par Traoré *et al.* (2008) et par Douamba (2015). Ces résultats suggèrent que la seule utilisation de la symptomatologie demeure insuffisante comme outils de diagnostic. De plus, certaines carences minérales notamment celles en fer peut induire des symptômes de jaunissement pouvant être confondus avec les symptômes du RYMV. Il est donc important de toujours confirmer le diagnostic basé sur la symptomatologie par les tests sérologiques et/ou moléculaires.

2.3. Inventaire des hôtes potentiels du virus dans les rizières infectées

2.3.1. Adventices inventoriés

Des prospections et collectes d'échantillons ont été effectuées dans 04 localités de l'Ouest du Burkina Faso sur des parcelles où la présence du virus de la panachure jaune du riz a été fréquemment signalée (hot-spot) pour établir un inventaire des adventices présent sur ces sites. Après le semis des graines d'adventices, aucune plante n'a émergé du pot témoin constitué uniquement de la terre stérilisée. Cela montre l'efficacité de la stérilisation et prouve que les adventices émergés des autres pots proviennent des échantillons collectés.

En tout, quarante-cinq (45) espèces d'adventice ont été identifiées au cours de nos travaux. De cet inventaire, il ressort une prédominance des plantes à feuilles larges sur les quatre sites confondus. En effet, ces adventices représentent plus de la moitié de la flore adventice des périmètres rizicoles prospectés suivi des *Cyperaceae* et enfin des *Poaceae*. Les travaux de Château (1957), Guilloux (1973), Hernandez (1978), Diop (1980) et Davies (1983) réalisés dans la vallée du fleuve Sénégal et à Wianga ont permis d'enregistrer 90 espèces d'adventices au total, réparties dans 27 familles. Les *Poaceae* et *Cyperaceae* constituent les familles les plus importantes et renferment à elles seules 45% des adventices inventoriés avec respectivement 29% et 16%, viennent ensuite les *Fabaceae*, les *Convolvulaceae*, les *Euphorbiaceae* etc. Nous retrouvons approximativement les mêmes résultats à l'issue de notre étude avec 30% de *Cyperaceae* et 13% de *Poaceae*. Merlier *et al.* (1974) ont également montré une prédominance des *Poaceae* et *Cyperaceae* dans les périmètres rizicoles de la Côte d'Ivoire. Les adventices à larges feuilles prédominent en constituant 57% de la flore adventice des périmètres rizicoles prospectés. Ces résultats concordent également avec ceux de Berthé (2016) et Rodenburg (2012) qui a montré une prédominance des adventices à larges feuilles sur les périmètres

rizicoles de l'Ouest du Burkina Faso (Banzon, Bama, Karfiguéla) et dans les rizières de Côte d'Ivoire, respectivement.

Les *Poaceae* et *Cyperaceae* représentent une part importante (43%) de la flore adventice des périmètres rizicoles prospectés au cours de notre étude. Ces résultats sont conformes à ceux de Berthé (2016) qui a montré que ces deux familles représentent presque la moitié (soit 48%) des adventices des périmètres rizicoles précédentes. De plus, ces deux familles rassemblent les hôtes potentiels du RYMV. Cela permet de suggérer qu'une bonne gestion de ces adventices permettrait de réduire considérablement les sources d'inoculum primaire du RYMV et par ricochet de lutter contre la maladie de la panachure jaune du riz.

2.3.2. Adventices hôtes du RYMV identifiés

A l'issue de notre travail, nous avons pu identifier sept (07) espèces d'adventices sur 45 comme faisant parti de la gamme d'hôtes du RYMV. On dénombre quatre (04) espèces de *Poaceae* *Oryza longistaminata*, *Echinochloa colona*, *Eragrostis cilianensis* et *Cynodon dactylon* ; et trois (03) espèces de *Cyperaceae* *Cyperus iria*, *Cyperus esculentus* et *Killinga tenuifolia*. La détection sérologique du virus chez ces espèces a déjà été rapporté par plusieurs études (Issiaka *et al.*, 2012 ; Banwo *et al.*, 2004 ; Konaté and Fargette, 1997 ; Traoré *et al.*, 2008d). Ces résultats permettent de confirmer l'étroitesse de la gamme d'hôtes qui se limite généralement à la famille des *Poaceae* (Banwo *et al.*, 2004 ; Traoré *et al.*, 2008d) et *Cyperaceae* (Issaka *et al.*, 2012). *Echinochloa colona* est présente à la Vallée du kou et représente l'espèce prédominante au sein des *Poaceae* dans la localité de Banzon. *Eragrostis cilianensis*, quant à elle se retrouve à des fréquences variables sur l'ensemble des 04 sites. De plus, des infections retour étaient possible avec ces hôtes identifiés au cours de notre étude. Ces résultats corroborent ceux de Traoré *et al.* (2008d) qui ont obtenu des infections retours avec *Echinochloa colona* ainsi que deux *Eragrostideae* : *Eragrostis atrovirens* et *Eragrostis* spp. Ce constat met en évidence l'importance des adventices dans le maintien et la dissémination (épidémiologie) du RYMV. En effet, leur rôle comme sources d'inoculum primaire dans le développement épidémiologique du RYMV a été rapporté par Abo *et al.* (2002), Banwo *et al.* (2003) et Traoré *et al.* (2007). C'est également le cas chez *Xanthomonas oryzae* où les adventices jouent un rôle important dans l'épidémiologie de la maladie (Berthé, 2016).

La gamme d'hôtes naturels du virus est peu connue et se limite au riz sauvage et très peu de *Poaceae* (Bakker, 1970, John *et al.*, 1984, Konaté *et al.*, 1997) et *Cyperaceae* (Issaka *et al.*, 2012). Parmi les espèces identifiées dans notre étude, *Oryza longistaminata*, *Echinochloa*

colona, *Cynodon dactylon* représentent des sources d'inoculum naturelles du virus dans les périmètres rizicoles. En effet, les études menées par Konaté *et al.* (1997), Traoré *et al.* (2001) et Issaka *et al.* (2012) ont signalées des infections naturelles de ces espèces. Par contre, les autres espèces ne peuvent qu'être considérées comme sources d'inoculum en conditions expérimentales car aucune d'entre elles n'avait été identifiée en situation d'infection naturelle.

Tous les échantillons d'adventices collectés ayant présenté des symptômes de panachure ont été identifiés comme positifs à l'issue du test ELISA. Il s'agit des espèces *Echinochloa colona* (Banzon), *Eragrostis cilianensis* (Banzon) et *Oryza longistaminata* (Banzon et Karfiguéla). En effet, le RYMV peut entraîner des symptômes chez certaines espèces d'adventice. Traoré *et al.* (2008d), a pu observer des symptômes de panachure chez trois (03) espèces de *Poaceae*, *Oryza longistaminata* (Burkina Faso, Cameroun, Mali, Tchad), *Echinochloa colona* (Cameroun, Mali), *Eragrostis* spp. (Cameroun), qui ont été par la suite positif au test sérologique. Ce constat laisserait entrevoir la possibilité d'utiliser la symptomatologie comme un outil de diagnostic de la maladie de la panachure jaune du riz chez ces espèces d'adventice. Toutefois, les autres espèces identifiées en tant que hôtes du RYMV n'ont présenté aucun symptôme. Cela confirme la présence d'infection asymptomatique chez les adventices qui a déjà été signalées par les études de Bakker (1974). Bakker en 1970 a également signalé que certains *Eragrostis* peuvent abriter le virus sans symptômes après inoculation mécanique.

CONCLUSION ET PERSPECTIVES

Notre étude a été conduite au Burkina Faso au Centre de recherche Environnementales et de Formation de Kamboinsé (CREAF) de l'Institut de l'Environnement de Recherches Agricoles (INERA). L'objectif de l'étude était d'obtenir de nouvelles informations sur la diversité des souches de RYMV, les hôtes réservoirs et l'identification des sources de résistance afin de mettre au point des méthodes de lutte efficace contre le virus.

L'analyse moléculaire effectuée sur la base de la CP, au cours de notre étude, a permis d'identifier trois souches de RYMV S1, S2 et Sa fréquemment identifiées en Afrique de l'Ouest. La souche S2 est constituée uniquement des isolats de la Côte d'Ivoire, tandis que ceux du Burkina Faso se répartissent majoritairement dans la souche S1 et le reste dans la Sa. On observe cependant un regroupement des isolats de la souche S1 du Burkina Faso en deux groupes : S1-Soudanienne et S1-Soudano-sahélienne/Sahélienne. La souche S1-Soudanienne constituée des isolats de l'Ouest (isohyètes 1200-900 mm). La souche S1-Soudano-sahélienne/Sahélienne se compose des isolats du centre (isohyètes 900-600 mm) et du Nord (isohyètes 600-300 mm). Cette répartition du virus au Burkina Faso et en Côte d'Ivoire serait principalement liée aux conditions climatiques présentes dans ces zones. Cette caractérisation a permis de connaître la diversité des souches en présence au Burkina Faso et en Côte d'Ivoire mais également de déterminer leur répartition géographique.

Le criblage de 42 variétés de riz a été réalisé avec deux isolats non contournant du RYMV issu des localités de Banzon (R1) et Dédougou (Z1), appartenant respectivement à la souche S1 et Sa. L'évaluation de la résistance/tolérance basé sur l'incidence du RYMV sur les variétés de riz testées a montré des comportements divers au sein de ces variétés. Parmi ces variétés criblées, seulement trois (03) (ART348-4-1-1, WAB2138-WACB-2-TGR2-WAT5-1, WAB2152-TGR2-WAT1-2) se sont révélées résistantes aux deux isolats. Les variétés FKR59 et FKR45 ont été résistant à l'isolat Z1. La variété RT346-10-2-1 a été tolérante aux deux isolats tandis que la FKR61 et la ARC1-448-B-1 sont tolérantes spécifiquement aux isolats R1 et Z1, respectivement. Par contre, trente-trois (33) variétés ont été sensibles aux deux isolats. De plus, il est ressorti que le RYMV a un impact sur la teneur en chlorophylle ainsi que la hauteur des plantes infectées. Par ailleurs, on note une différence significative entre les variétés et entre les dates de mesure pour la teneur en chlorophylle. Mais elle demeure significative entre les variétés ainsi que les isolats par rapport à l'impact du virus sur la hauteur des plantes. En outre, le test ELISA a révélé la présence du virus dans les variétés asymptomatiques. Ces résultats

mettent en relief la sensibilité de la quasi-totalité des variétés de riz et l'importance de poursuivre les travaux de criblage des variétés de riz vis-à-vis du RYMV. Ces travaux ont permis d'identifier des variétés résistantes/tolérantes aux souches S1 et Sa.

Ainsi, il serait judicieux d'entreprendre la vulgarisation des variétés résistantes en tenant compte des localités où ces souches ont été caractérisées. Par exemple, les variétés telles que ART348-4-1-1, WAB2138-WACB-2-TGR2-WAT5-1, WAB2152-TGR2-WAT1-2 résistantes aux souches S1 et Sa pourront être vulgarisées dans à Kienfanguin, Dédougou, Tougouri, Banzon, Banfora, Vallée du Kou, N'Dorola, Bagré et Souroukoudinga où ces souches ont été identifiées.

Pour l'identifier des plantes hôtes du RYMV, une prospection et collectes d'échantillons de graines d'adventice a été réalisée dans quatre localités du Burkina Faso dans les hot-spots du RYMV. L'inventaire des adventices de ces périmètres rizicoles a permis d'identifier au total 45 espèces réparties entre les 03 grandes familles taxonomiques qui sont les *Poaceae*, les *Cyperaceae* et les espèces à feuilles larges. Les espèces à feuilles larges constituent la plus importante famille avec 26 espèces (soit 57%), suivies des *Cyperaceae* avec 12 espèces (soit 30%) et les *Poaceae* avec 7 espèces (soit 13%). Le test DAS-ELISA a permis d'identifier 07 espèces hôtes du RYMV dont 04 espèces de *Poaceae* (*Oryza longistaminata*, *Eragrostis cilianensis*, *Echinochloa colona* et *Cynodon dactylon*) et 03 espèces de *Cyperaceae* (*Cyperus iria*, *Cyperus difformis* et *killinga tenuifolia*). Ces résultats mettent en évidence le rôle que jouent les adventices dans le maintien et la dissémination du RYMV dans les périmètres rizicoles.

Perspectives

Notre étude sur la caractérisation moléculaire a été conduite en utilisant 32 isolats de RYMV dont 19 du Burkina et 13 de la Côte d'Ivoire. Afin de prendre en compte de façon exhaustive toute la diversité des pays, il serait judicieux de poursuivre les travaux sur la caractérisation moléculaire en séquençant un plus grand nombre d'isolats afin de mieux appréhender la diversité des souches dans les différentes zones.

Compte tenu de la coexistence du riz avec les adventices hôtes du RYMV, il serait judicieux d'une part d'assurer un bon désherbage au sein et autour des parcelles et la destruction des résidus de culture. D'autre part, de poursuivre les travaux sur l'identification d'éventuels hôtes du virus.

De plus, l'utilisation d'autres techniques telles que la Retro Transcription- Polymerase Chain Reaction (RT-PCR) et les Next-Generation Sequencing (NGS) pourraient être envisagées pour la détection d'éventuels hôtes alternatifs du RYMV au sein des adventices. La technique

des NGS permet de décrypter rapidement, et pour un coût relativement l'ADN complet et donc d'obtenir de nombreuses informations sur le patrimoine génétique.

Trois 03 variétés ont ainsi présenté une résistance face aux deux isolats, en plus d'une résistante spécifiquement à celui de Banzon et 02 à celui de Dédougou. De plus, deux variétés ont été tolérantes aux deux isolats, une à R1 et une autre à Z1. Au regard de ces résultats, il s'avère nécessaire de (i) Tester ces variétés en condition naturelle au champ, (ii) Orienter les sélectionneurs vers ces variétés afin qu'ils les utilisent dans leur programme de sélection respectifs, (iii) Poursuivre les travaux de criblage pour la détection d'éventuelles sources de résistance contre le RYMV et de caractériser d'autres gènes de résistance au virus.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Abo M.E. (1998).** Studies on the mode of transmission of RYMV. Ph.D. Thesis. Ahmadu Bello University, Zaria, Nigeria. 148pp
- Abubakar Z., Ali F., Pinel A., Traore O., N'Guessan P., Notteghem J. L., Kimmins F., Konate G., Fargette D. (2003).** Phylogeography of rice yellow mottle virus in Africa. *Journal of General Virology*, 84, 733-743.
- ADRAO (2000).** Rapport annuel : Points saillants des activités. Cotonou, Bénin. 37p
- ADRAO (2009).** Sélection variétale participative du riz. Manuel de technicien. Cotonou. Bénin, 118 p.
- AfricaRice (2014).** Lancement de nouvelles variétés de riz ARICA. Bouaké, Côte d'Ivoire. 1p
- Akintayo I., Cissé B., Zadji L.D. (2008).** Guide pratique de la culture des NERICA de plateau. WARDA. 28 p.
- Albar L., Bangratz-Reyser M., Hebrard E., Ndjiondjop M., Jones M. (2006).** Mutations in the eIF(iso)4G translation initiation factor confer high resistance to Rice yellow mottle virus. *Plant J* 47: 417–426.
- Albar L, Ndjiondjop M, Esshak Z, Berger A, Pinel A. (2003).** Fine mapping of a gene required for rice yellow mottle virus cell-to-cell movement. *Theo. Appl. Genet.* 107 : 371–378.
- Amancho A. N., Kouassi N. K., Diallo Atta H, Bouet A., Aidara D., Sangaré A. (2008).** Epidémiologie de la panachure jaune du riz : distribution et incidence sur les variétés de riz (*Oryza sativa*) cultivées en Côte d'Ivoire. *Agronomie Africaine* 20 (2) : 201-211.
- Amancho N. A., Diallo H. A., Kouassi N. K., Bouet A., N'Guessan P. K. (2009).** Criblage de quelques variétés de riz de Côte d'Ivoire pour la résistance à la panachure jaune du riz : incidence de la maladie sur quelques caractères agronomiques. *Sciences et Nature* Vol. 6 N°1: 27 – 37.
- Astier S., Albouy J., Maury Y., Lecoq H. (2001).** Principes de Virologie Végétale : Génome. Pouvoir pathogène, Ecologie des virus, INRA edn., Paris, 444 p.
- Awoderu V. A. (1991).** Rice yellow mottle virus in West Africa. *Tropical Pest Management.* 37 :37: 356 - 362.
- Ayanru D. K. et Sharma V. C. (1982).** Effects of cassava mosaic disease on certain leaf parameters of field-grown cassava clones. *Dis. Detect. Losses*, 72, 8, 1057-1059

- Bakker W. (1970).** Rice yellow mottle virus a mechanically transmissible virus disease of rice in Kenya. Netherlands. *Journal of Plant Pathology*, 76 (2) : 53-63.
- Bakker W. (1974).** Characterization and ecological aspects of rice yellow mottle virus in Kenya. *Agr. Res. Rep. (Wageningen)*. 829 :1-152.
- Bal A. B. (2002).** Compte rendu de la seconde revue régionale de la recherche rizicole (4Rs 2002). ADRAO-Le centre du riz pour l'Afrique. 244p.
- Balasubramanian V., Sie M., Hijmans R. J., Otsuka K. (2007).** Increasing Rice Production in Sub-Saharan Africa : Challenges and Opportunities. *Advances in Agronomy*, 94 : 55-133
- Banwo O. O. (2003).** Rice yellow mottle virus (RYMV) disease : A national problem in Tanzania. *Acta Phytopathologica et Entomologica Hungarica* 38 :99-107. DOI : 0.1556/APhyt.38.2003.1-2.12.
- Banwo O. O., Alegbego M.D., Abo M.E. (2004).** Rice yellow mottle virus genus *Sobemovirus* : a continental problem in Africa. *Plant Protect. Sci.*, 40 : 26–36.
- Berruyer R. (2003).** Etude des interactions riz-*Magnaporthe grisea*. Caractérisation et clonage du gène de résistance *Pi33*. Thèse de Doctorat. Ecole Nationale Supérieure Agronomique de Montpellier. France. 218p
- Berth A. T. (2016).** Identification les adventices hôtes des *Xanthomonas oryzae* dans les conditions de riziculture à l'Ouest du Burkina Faso. Mémoire d'ingénieur d'agriculture. CAP MATOURKOU, Burkina Faso. 55p
- Bezançon G., Causse M., Ghesquiere A., De Kochko A., Pham J. L., Second G. (1989).** Les riz en Afrique : diversité génétique, relations interspécifiques et évolution. OSTROM. Montpellier. *Bull. Soc. bot. Fr.*, 136, Actual. bot. (3/4), 251-262
- Bonneau C., Brugidou C., Chen L., Beachy R. N., Fauquet C. M. (1998).** Expression of the rice yellow mottle virus P1 protein *in vitro* and *in vivo* and its involvement in virus spread. *Virology*, 244 : 79-86.
- Bouet A. et Amancho N. A. (2010).** Selection de deux nouvelles variétés de riz irrigué (*oryza sativa* L.) à un haut niveau de résistance au virus de la panachure jaune (RYMV) en Côte d'Ivoire. *Agronomie Africaine* 22 (3) : 285 – 293.
- Bouet A., Amancho A.N., Kouassi N., Kouamé A. (2013).** Comportement de nouvelles lignées isogéniques de riz irrigué dotées du gène de résistance (*rymv1*) au RYMV en Afrique de l'Ouest : situation en Côte d'Ivoire. *Int. J. Biol. Chem. Sci.* 7(3): 1221-1233.

- Chang T. T. (1976).** The origin, evolution, cultivation, dissemination and diversification of Asian and African rices. *Euphytica* 25, 435-444.
- Chang R. K., Wang Y. H., Zhang X. T., Tang G. C., Wei Y. (2015).** The Research of Disease Detection Method of Greenhouse Cucumber Leaf Based on Chlorophyll Fluorescence Analysis. *Universal Journal of Agricultural Research* 3(3) : 76-80.
- Château R. (1957).** La lutte contre les plantes adventices en riziculture. *67 II Agr-OTrop*. Vol. HI, NO6 Nogent sur Marne. pp. 657-724.
- Cirad-Great (2005).** Ministère des Affaires étrangères. Mémento de l'agronome. 1698p.
- Clark M. F. et Adams R. N. (1977).** Characteristics of the microplate method of Enzyme Linked Immuno-sorbent Assay for the detection of plant viruses. *Journal of General Virology*, 34 : 475-483
- Coulibaly M. M., Konaté G., Zongo J. D. (1999).** Criblage variétal du riz pour la résistance au RYMV du Sahel. *Revue CAMES*, 1 : 7-13
- Davies E. L. P. (1983).** Weed Science Report - OWS/DAKAR.
- Demol J., Baudoin J. P., Louant B. P., Maréchal R., Mergeai G., Otoul E. (2002).** Amélioration des plantes : application aux principales espèces cultivées en régions tropicales. Ed. *Les presses agronomiques de Gembloux*. 583 p.
- DGPER (2012).** Etat des lieux des plans d'actions des filières agricoles au Burkina Faso. 58p.
- DGPER (2011).** Stratégie Nationale de Développement de la Riziculture. 27p
- Dhanasekar P. et Reddy K.S. (2015).** Serological Screening of Cowpea Genotypes for Resistance against Cowpea Aphid Borne Mosaic Virus Using DAS-ELISA. *Asian Journal of Plant Pathology* 9 (2) : 83-90.
- Diaw N. T. (2000).** Evaluation au champ et en conditions de salinité des performances agromorphologiques et physiologiques de lignées de riz *Oryza sativa* L. cultivar I Kong Pao (IKP) sélectionnées *in vitro* en présence de sel. Thèse de Doctorat, Dakar. Sénégal. 109p
- Diop A.M. (1980).** Rapport du Service de Malherbologie, ADRAO, Saint-Louis du Sénégal.
- Doorembos J. et Kassam A. H. (1980).** Réponse des rendements à l'eau. Bulletin d'irrigation et de drainage n033. FAO, Rome, Italie. 221p.
- Douamba S. A. M. (2015).** Caractérisation biologique, pathogénique et moléculaire du virus de la panachure jaune du riz au Burkina Faso – Criblage de variétés de riz. Mémoire d'ingénieur. 51p.
- Fageiry K. A. (1987).** Weed control in soybean (*Glycine max* L.) in vertisols of Sudan. *Trop. Pest. Manag.* 33 : 220-223.

- FAO (2004).** Riz et alimentation humaine. Rome, Italie. 2p
- FAO (2009).** Analyse de la compétitivité de la filière riz local au Burkina Faso. Ministère de l'agriculture de l'hydraulique et des ressources halieutiques, Secrétariat général, Direction des études et de la planification (DEP), Burkina Faso. 74p
- FAO. (2010).** Trends of rice paddy production : monitoring the market. http://www.fao.org/esc/fr/15/70/highlight_71.html.
- FAO (2013).** Suivi du marché du riz. Rome, Italie. 4p.
- FAO (2017).** Suivi du Marché du riz de la FAO. Rome, Italie. Volume XX, Edition N°2. 10p
- Fargette D., Pinel A., Abubakar Z., Traoré O., Brugidou C., Fatogoma S., Hébrard E., Choisy M., Séré Y., Fauquet C., Konaté G. (2004).** Inferring the evolutionary history of Rice yellow mottle virus from genomic, phylogenetic, and phylogeographic studies. *Journal of virology*, 78 :3252–61
- Fargette D., Pinel A., Halimi N., Brugidou C., Fauquet C. M., Van Regenmortel M. H. V. (2002).** Comparison of molecular and immunological typing of isolates of *rice yellow mottle virus*. *Arch. Virol.* 147 :583-596.
- Fargette D., Pinel-Galzi A., Séré D., Lacombe S., Hébrard E., Traoré O., Konaté G. (2008).** Diversification of Rice yellow mottle virus and related viruses spans the history of agriculture from the neolithic to the present. *PLoS pathogens*, 4 : e1000125.
- Fauquet C. et Thouvenel J. C. (1987).** " Maladies virales des plantes en Côte d'Ivoire." Initiations-documentations techniques. Editions de l'ORSTOM, Bondy. 241-246.
- Fauquet C. et Thouvenel J.C. (1977).** Isolation of rice yellow mottle virus in Ivory Coast. *Plant Disease Reporter*. 61, 6 : 443-446.
- Fomba S.N. (1988).** Screening for seedling resistance to rice yellow mottle virus in some rice cultivars in Sierra Leone. *Plant Disease* 72: 641–642.
- Fraser R. S. (1986).** Genes for resistance to plant viruses. *CRC Crit. Rev. Plant Sciences*, 3 : 257 - 294.
- GE-eau (2004).** Renforcement de la capacité de gestion des ressources en eau dans l'agriculture moyennant des outils de suivi-évaluation. Rapport annuel N°2. 114p.
- Glazmann J-C (1987).** Isozyme and classification of Asian rice varieties. *Theor Appl Genet* 74 : 21-30.
- Guilloux P. (1973).** Principales adventices du riz irrigué. ISRA, Saint-Louis du Sénégal.
- Guindon S., Gascuel O. (2003).** A simple, fast, and accurate algorithm to estimate large phylogenies by maximum likelihood. *Systematic Biology*, 52 : (5):696-704
- Guinta F., Motzo R., Deidda M. (2002).** SPAD readings and associated.

- Hamadache A., (1995).** Les mauvaises herbes des grandes cultures. Biologie, écologie, moyens de lutte. ITGC, 55p.
- Hébard E., Poulicard N. C., Gérard., Traoré O., Hui-Chen W., Albar L., Fargette D., Yannick B., Florence V. (2010).** Direct Interaction Between the Rice yellow mottle virus (RYMV) VPg and the Central Domain of the Rice 40 eIF(iso)4G1 Factor Correlates with Rice Susceptibility and RYMV Virulence. *Molecular Plant-Microbe Interactions* **23**, 1506–1513.
- Heinrichs E. A., Sy A. A., Akator S. K., Oyediran I. (1997).** Seasonal occurrence of rice yellow mottle virus in lowland rice in Côte d'Ivoire. *International Journal of Pest Management* **43** : 291-297.
- Hernandez S. (1978).** Les mauvaises herbes et le désherbage des cultures au Sénégal. Publication présentée à la Conférence Internationale de Malherbologie. IITA. IBADAN. Nigeria. 3-7 juillet 1978 - ISRA, 15p.
- <http://www.futura-sciences.com/planete/definitions/botanique-dicotyledone-6771/> consulté le 24/07/2017 à 22h 40
- Hubert J. G., Pinel-Galzi A., Dibwe D., Cinyabuguma E., Kaboré A., Fargette D., Silué D., Hébrard E., Séré Y. (2013).** First Report of *Rice Yellow Mottle on Rice* in the Democratic Republic of Congo. *American Phytopathological Society*, Vol 97, Number 12 : P. 1664
- Hull R. (1988).** The sobemovirus group. In : Koenig I.K. (ed.) : The Plant Viruses. Vol. 3. Polyhedral Virus with Monopartite RNA Genomes. Plenum Press, New York. USA : *Plenum Press*, 3 :123-146.
- Hussain S., Fujii T., McGoey S., Yamada M., Ramzan M., Akmal M. (2014).** Evaluation of different rice varieties for growth and yield characteristics. *The Journal of Animal et Plant Sciences*, 24(5) : . 1504-1510.
- INERA (2012).** INERA alerte une grave maladie de riz identifier en RDC : « Panachure jaune du riz ou RYMV ». 4p
- Ioannidou D, Lett J.M., Pinel A., Assigbetse K., Brugidou C., Ghesquière A., Nicole M., Fargette D. (2000).** Responses of *Oryza sativa japonica* subspecies to infection with Rice yellow mottle virus. *Physiological and Molecular Plant Pathology* **57**:177–188.
- Ioannidou D., Pinel A., Brugidou C., Albar L., Ahmadi N., Ghesquière A., Nicole M., Fargette D. (2003).** Characterisation of the effects of a major qtl of the partial resistance to rice yellow mottle virus using a near-isogenic–line approach. *Physiological and Molecular Plant Pathology*, **63**(4) :213–221.

- Issaka S., Basso A., Sorho F., Onasanya A., Haougui A., Sido A.Y., Aké S., Fargette D., Séré Y. (2012).** Diagnosis and importance of rice yellow mottle disease in Niger republics. *Journal of Applied Biosciences* 50 : 3501– 3511
- Jaw A. (2010).** Screening and molecular characterisation of near- isogenic lines for resistance to rice yellow mottle virus. M.sc. thesis (unpublished). Kwame Nkrumah University, Ghana.
- John V. T., Thottapilly, G., Awoderu V. A. (1984).** Occurrence of rice yellow mottle virus in some Sahelian countries in West Africa. *FAO. Plant Prot. Bull.* 32 :86-87.
- Kabore P. D. (2007).** Efficience technique de la production rizicole sur les périmètres aménagés du Burkina Faso. Série document de travail DT-CAPES N°2007-35. Centre d'Analyse des Politiques Economiques et Sociales (CAPES). 27p.
- Khush G. (1997).** Origin, dispersal, cultivation and variation of rice. *Plant Molecular Biology* 35, 25-34.
- Konaté G. et Fargette D. (1997).** Overview of rice yellow mottle virus. *Plant virology in sub-Saharan Africa.* 17p
- Konaté G., Sarra, S., Traoré, O. (2001).** Rice yellow mottle virus is seed-borne but not seed transmitted. *Eur. J. Plant Pathol.* 107:361-364.
- Kouassi N. K., N'guessan P., Albar L., Fauquet C. M., Brugidou C. (2005).** Distribution and Characterization of rice yellow mottle virus : A Threat to African Farmers. *Plant Dis.* 89 :10P.
- Lacharme M. (2001).** Le plant de riz : données morphologiques et cycle de la plante. « Facicule 2 ». Ministère du Développement Rural et de l'Environnement Direction de la Recherche Formation Vulgarisation. 19p
- Lett J. M. (1997).** Approche histopathologique de la résistance du riz (*Oryza sativa*) au virus de la panachure jaune (RYMV). DEA de Phytopathologie. Ecole Nationale Supérieure d'Agronomie de Montpellier, France. 38p
- Ling R., Pate A. E., Carr J. P., Firth A. E. (2013).** “An Essential Fifth Coding ORF in the Sobemoviruses.” *Virology*, 446 : 397-408.
- Longue D.R.S., Pinel A., Semballa S., Zinga I., Fargette D., Traoré O. (2014).** First report of RYMV in Rice in the Central African Republic. *Amerian Phytopathological Society*, vol 98, Number 1 : P. 162
- MAFFAP-SPAAA (2012).** Analyse des incitations et des pénalisations pour le riz au Burkina Faso. 42p

- MAHRH (2006).** « Analyse économique et financière de la filière riz au Burkina Faso ». PAFR. Ouagadougou, Burkina Faso. Rapport.130p
- Marquard R. D. et Tipton (1987).** Relationships between extractable chlorophyll and an in situ method to estimate leaf greenness. *Hort. Sci.* 22 : 1327
- MASA (2013).** Résultats définitifs de la campagne agricole et de la situation alimentaire et nutritionnelle 2012/2013. Ministère de l'Agriculture. Ouagadougou (Burkina Faso). 49 p.
- Melakhessou Z. (2007).** Étude de la nuisibilité directe des adventices sur la culture de poischiche d'hiver (*Cicer arietinum L*) variété ILC 3279, cas de *Sinapis arvensis L*. Thèse de magister, Université El-hadj Lakhdar-Batna ,51p.
- Merlier, H. (1974).** Végétation adventice des rizières irriguées de Cote d'Ivoire. 112-126.
- Merlier H. et Montegut J. (1989).** Adventices tropicales. Ministère des relations extérieures, République Française. 485p
- Mew T. W. (1991).** Disease management in rice. In: CRC Handbook of Pest Management. 2nd ed. D. Pimentel & A.A. Hanson (eds.). Boca Raton (USA) : *CRC Press*. Pp 279-299
- Moukoubi Y. D. (2012).** Diversité génétique des variétés de NERICAs et des variétés « interspécifiques » (*Oryza glaberrima x O. sativa*) de bas-fonds et étude du déterminisme génétique de la compétitivité des variétés de riz vis-à-vis des mauvaises herbes. Docteur de l'Université d'Abomey. République du Bénin. Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique. 193p
- N'Guessan P., Pinel A., Caruana M.L., Frutos R., Sy A., Ghesquiere A., Fargette D. (2000).** Evidence of the presence of two serotypes of Rice yellow mottle Sobemovirus in Côte d'Ivoire. *Eur. J. Plant Pathol.* 106 :167-178.
- N'Guessan P., Pinel A., Sy A. A., Ghesquière A., Fargette D. (2001).** Distribution, pathogenicity, and interactions of two strains of Rice yellow mottle virus in forested and savanna zones of West Africa. *Plant Dis.* 85 :59-64.
- Nacro S. (1987).** Aperçu sur la production et la recherche rizicole au Burkina Faso. INERA. 21 p.
- Nacro S. (1994).** Analyse d'un système tritrophique : la cécidomyie du riz et ses parasitoïdes au Burkina Faso. Thèse de Doctorat de l'Université de Rennes I, France, 118p.
- Ndikumana I., Gasoré R., Issaka S., Pinel A., Onasanya A., Hassani-Mehraban A., Fargette D., Peters D., Séré Y. (2011).** Rice yellow mottle virus in rice in Rwanda : First report and evidence of strain circulation. *New Disease Reports*, 23 : 18.

- Ndikumana I., Pinel A., Negussie Z., N'ChimbiMsolla S., Njau P., Singh R. K., Choi I. R., Bigirimana J., Fargette D., Hébrard E. (2012).** First report of Rice Yellow Mottle Virus on Rice in Burundi. *American Phytopathological Society*, Vol. 96, Number 8 : P. 1230
- Ndjiondjop M. N., Albar L., Fargette D., Fauquet C., Ghesquière A. (1999).** The genetic basis of high resistance to rice yellow mottle virus (RYMV) in cultivars of two cultivated rice species. *Plant Dis.* 83 :931-935.
- Ndjiondjop M.N., Albar L., Sow M., Yao N., Djedatin G., Thiemelé D. Ghesquière A. (2013).** Integration of Molecular Markers in Rice Improvement : A Case Study on Resistance to Rice yellow mottle virus. In Wopereis M.C.S. (ed.), Johnson D.E. (ed.), Ahmadi N. (ed.), Tollens E. (ed.), Jalloh A.(ed.). *Realizing Africa's rice promise*, 161-172.
- Ngon A., Yassi M., Ritzenthaler C., Brugidou C., Fauquet C., Beachy R. N. (1994).** Nucleotide sequence and genome characterization of rice yellow mottle virus RNA. *J. Gen. Virol.* 75 :249–257.
- Nicaise A. Amancho, Diallo H. A., Kouassi N. K., Bouet A., N'Guessan P. K. (2009).** Criblage de quelques variétés de riz de Côte d'Ivoire pour la résistance à la panachure jaune du riz : incidence de la maladie sur quelques caractères agronomiques. *Sciences et Nature* Vol. 6 N°1 : 27-37.
- Ouedraogo I., Séré Y. (1996).** La marbrure jaune du riz (*Rice yellow mottle virus*) : une nouvelle menace pour la riziculture au Burkina Faso. *Sahel IPM* 10 9-13. *Physiology. Molecular. Plant Pathology* 59, 309-316.
- Ouedraogo M., Dembele Y., Dakouo D. (2005).** Problématique de la commercialisation du paddy et stratégies d'adaptation des producteurs dans les grands périmètres irrigués de l'Ouest du Burkina Faso. Atelier régional sur les politiques rizicoles et sécurité alimentaire en Afrique Sub-saharienne. Centre du riz pour l'Afrique (ADRAO). Cotonou (Bénin). 17p.
- PANA (2007).** Programme d'adoption national d'adoption aux changements climatiques (PANA du Burkina). 76p.
- Pande H. K. (1997).** Systèmes améliorés de riziculture pluviale. FAO. Rome. 111p.
- Pidon H. (2016).** Diversité des bases génétiques de la résistance au virus de la panachure jaune du riz (RYMV) dans l'espèce de riz africain *Oryza glaberrima*. Thèse de Doctorat. Université de Montpellier (France). 151p

- Pinel A., N'Guessan P., Bousalem M., Fargette D. (2000).** Molecular variability of geographically distinct isolates of Rice yellow mottle virus in Africa. *Archives of Virology*, 145: 1621-1638
- Pinel-Galzi A., Traoré O., Séré Y., Hébrard E., Fargette D. (2015).** The biogeography of viral emergence : Rice yellow mottle virus as a case study. *Current Opinion in Virology*, 10 :7–13.
- Pipon E. (2013).** Identification et caractérisation d'innovations agro-écologiques en matière de gestion des adventices mises en place par des agriculteurs. 51p
- Qu C., Liljas L., Opalka N., Brugidou C., Yeager M., Beachy R. N., Fauquet C. M., Johnson J. E., Lin T. (2000).** 3D domain swapping modulates the stability of members of an icosahedral virus group. *Structure*, 8 : 1095-1103.
- Radanilina T. (2010).** Diversité génétique du riz (*Oryza sativa* L.) dans la region de Vankinakaratra, Madagascar. Structuration, distribution éco-géographique & gestion in situ. Thèse de Doctorat. Institut des Sciences et Industries du Vivant et de l'environnement (Agro Paris Tech). Montpellier, France. 160p.
- Raymundo S. A. et Konteh I. K. (1980).** Distribution, importance, screening methods and varietal reaction to rice yellow mottle disease. *Int. Rice Comm. Newsl.* 29 :51-53.
- Reckhaus P. M. et Randrianangaly S. (1990).** Rice yellow mottle virus (RYMV) on rice in Madagascar. *Int. Rice Res. Newsl.* 15 :30.
- Rossel H. W., Ayotade K. A., Thottapilly G., Adeoti A. A., Alluri K., Alam M. S., Sangaré D. (2011).** Etude de marche sur le riz local. Commercialisation du riz local, IntermonOxfam-UNPR-B. Ingénieur en sociologie et Economie Rurales. 57p.
- Rodenburg, J., Grard, P., T. Le Bourgeois., Marnotte, P., Carrara, A., Irakiza, R., Makokha, D., kyalo, G., Aloys. K., Iswaria, K., Nguyen, N., Tzelepoglou, G. (2012).** AFRO weeds V.1.0: African weeds of rice Montpellier, France et Cotonou, Benin, Cirad-AfricaRice eds. Gestion des adventices dans les systèmes rizicoles des bas-fonds en Afrique | Jonne Rodenburg - AfricaRice. 15p.
- Roumen E. C. (1993).** Partial Resistance in Rice to Blast and How to Select for it : Latent Period to Leaf Blast in Rice and it Importance as a Component of Partial Resistance. Agricultural University Netherlands : Wageningen. 108p.
- Sarra S. (2005).** Novel insights in the transmission of rice yellow mottle virus in irrigated rice. PhD of the University of Wageningen, 112 p.
- Sarra S. et Peters D. (2003).** *Rice yellow mottle virus* is transmitted by cows, donkeys, and grass rats in irrigated rice crops. *Plant Dis.* 87 :804-808.

- Sarra S., Oeverring P., Gnindo S., Petters D. (2004).** Wind-mediated spread of Rice yellow mottle virus (RYMV) in irrigated rice crops. *Plant Pathology* (2004) 53, 148-153
- Schaub C. (2010).** Mieux connaître les mauvaises herbes pour mieux maîtriser le désherbage. Service Environnement-Innovation. 24p.
- Second G. (1985).** Geographic origins, genetic diversity and the molecular clock hypothesis in the Oryzeae. IN: Jacquard, A. et al. (editors) Genetic differentiation and dispersal in plants. Springer-Verlag, Berlin. Pp 41-56.
- Sere Y. (1991).** Phytopathologie du riz-synthèses des activités 1990. In : Rapport d'activités du Programme Riz. Doc. Roneot. INERA, Ouagadougou : 72–97.
- Séréme D. (2010).** La protéine supprimeur PI des virus de la panachure jaune du riz et du chiendent (*Imperata cylindrica*) : diversité, étude fonctionnelle et applications en biotechnologies. Thèse de Doctorat unique, Université de Ouagadougou. Burkina Faso, 220 p.
- Séréme D., Ouédraogo I., Wonni I., Yao N., Neyá B. J., Konaté G. (2016a).** Assessment of yield losses due to *Rice Yellow Mottle Virus* under field conditions in Burkina Faso. *International Journal of Current Advanced Research*, Vol 5, Issue 12. pp 1522-1528.
- Séréme D., Ouédraogo I., Neyá B. J., Zida P. E., Yao N., Sié M. (2016b).** Screening Improved Rice Varieties (*Oryza* spp) for their Resistance / Tolerance to Rice Yellow Mottle Virus in West Africa. *International Journal of Agriculture Innovations and Research*, volume 5, 2319-1473.
- Sié M. (1991).** Prospection et évaluation génétique des variétés traditionnelles de riz (*Oryza sativa* L. et *O. glaberrima* Steud) du Burkina Faso. Thèse de Docteur-Ingénieur/spécialité : Génétique et amélioration des espèces végétales. Faculté et techniques de l'Université Nationale de la Côte d'Ivoire. 118p
- Sié M. (1997).** Analyse des contraintes photothermiques en vue de l'adaptation des variétés de riz irrigué au sahel. Diplôme de Doctorat, Spécialité : Sciences Agronomiques. Ecole Nationale Supérieure Agronomique de Montpellier. 139p
- Sié M. (1999).** « Caractérisation des hybrides interspécifiques (*O. glaberrima* and *O. sativa*) pour leur adaptabilité à la riziculture de bas-fond » formulaire de requête d'un financement spécial pour un projet d'un groupe d'action. P 6
- Sié M., Dogbe, Diatta M. (2009).** Sélection variétale participative du riz : manuel du technicien ; pp. 3 - 9.
- Sié M., Dramé K.N., Dakouo D., Traoré K., Dogbe Y.D., Somado E.A., Ogunbayo A., Semon M., Bamba I., Futakuchi K., Manneh B., Ndjioudjop M.N. (2008).** In

conférence sur la biodiversité et amélioration génétique du riz en Afrique subsaharienne. Agropolis International, Montpellier - France.

- Siré C. et Brugidou C. (2002).** Les virus du riz : état des lieux, impact et méthodes de lutte. *Virologie*, 6(6) :431–443.
- Soko D. F., Siene L. A. C., Kotchi V., Gogbeu S. J., Sere Y., Ake S. (2010).** Évaluation du niveau de sensibilité et de résistance des variétés de riz différentielles d’AfricaRice à huit isolats de la panachure jaune du riz (RYMV) de Gagnoa (Côte d’Ivoire). *Journal of Animal & Plant Sciences*, 2015. Vol.26, Issue 3 : 4138-4149.
- Sõmera M., Sarmiento C., Truve E. (2015).** Overview on Sobemoviruses and a Proposal for the Creation of the Family Sobemoviridae. *Viruses*, 7 :3076–3115.
- Sorho F. (2005).** La panachure jaune du riz (RYMV) en Afrique de l’Ouest : Phylogéographie, Pathogénie et durabilité des résistances naturelles. Thèse de Doctorat. Spécialité : physiologie végétale, option : Virologie. Université de Cocody, Côte d’Ivoire. 144p
- Soufi Z. (1988).** Les principales mauvaises herbes des vergers dans la région marithime de Syrie. *Weed Res.*, 28 (4) : 199-206.
- Sow M. E. H. (2012).** Genetic diversity of *Oryza* species in Niger ; screening and breeding for resistance to rice yellow mottle virus (RYMV). Doctor of Philosophy (PhD) in Plant Breeding. University of KwaZulu-Natal, Afrique du Sud. 202p
- Sweeney M., Mc Couch S. R. (2007).** The Complex History of the Domestication of Rice. *Ann. Bot.* 100 : 951-957.
- Sy A. A. et Séré Y. (1996).** Manuel de formation en pathologie du riz. ADRAO. Imprint Design. Royaume-Uni. 76p.
- Taylor D. R. (1989).** Resistance of upland rice varieties to rice yellow mottle virus (RYMV). *Int. Rice Res. News* l. 14 :11.
- Thompson J., Higgins D., Gibson T. (1994).** CLUSTAL W. Improving the sensitivity of the progressive multiple sequence alignment through sequence weighting positions specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic Acids Research*, 22: 4673-4680.
- Thottappilly G. et H.W. Rossel. (1993).** Evaluation of resistance to rice yellow mottle virus in *Oryza* species. *Indian Journal of Virology* 9 : 65–73.
- Traoré H. (1991).** Influence des facteurs agro-écologiques sur la constitution des communautés adventices des cultures céréalières (sorgho, mil, maïs) du Burkina Faso. Thèse de Doctorat, Biologie et Ecologie Végétales, Université des Sciences et Techniques. Montpellier II (France), 180 p.

- Traoré O., Pinel A., Hebrard E., Gumedzoe Y., Fargette D. (2006).** Occurrence of resistance-breaking isolates of Rice yellow mottle virus in West and Central Africa. *Plant Dis* 90 : 256–263.
- Traoré O. (2005).** Ecologie, pathogénie et évolution du virus de la panachure du riz en zone soudano-sahélienne. Thèse de Doctorat d'Etat, Université de Ouagadougou, Burkina Faso, 310 p.
- Traoré O., Pinel A., Fargette D., Konaté G. (2001).** First report and characterization of Rice yellow mottle virus in Central Africa. *Plant Disease* 85, 920.
- Traoré O., Pinel-Galzi A., Issaka S., Poulicard N., Aribi J., Aké S., Ghesquière A., Séré Y., Konaté G., Hébrard E., Fargette D. (2010).** The adaptation of Rice yellow mottle virus to the eIF(iso)4G-mediated rice resistance. *Virology*, 408(1) :103-8.
- Traoré O., Traoré E.V.S., Allarangaye M.D., Gumedzoé M.Y.D., Fargette D., Konaté G. (2008a).** Identification d'isolats virulents du virus de la panachure jaune du riz : une menace pour la lutte génétique contre le virus ? Maladies virales des plantes au Sahel. Fiche technique. Burkina Faso 2p.
- Traoré O., Traoré E. V. S., Allarangaye M. D., Gumedzoé M. Y. D., Fargette D., Konaté G. (2008b).** Les modes de transmission du virus de la panachure jaune du riz. Maladies virales des plantes au Sahel. Fiche technique. Burkina Faso. 2p.
- Traoré O., Traoré E.V.S., Allarangaye M.D., Gumedzoé M.Y.D., Fargette D., Konaté G. (2008c).** La panachure jaune du riz au Tchad. Fiche technique. Tchad. 2p
- Traoré O., Traoré E. V. S., Gumedzoe M. Y. D., Konaté G. (2008d).** Diagnostic sérologique des isolats soudano-sahéliens du virus de la panachure jaune du riz (*Rice Yellow Mottle Virus*, RYMV). Burkina Faso. *Tropicicultura*, 26 (2), 74-77.
- Trovão N. S., Baele G., Vrancken B., Bielejec F., Suchard M. A., Fargette D., Lemey P. (2015).** Host ecology determines the dispersal patterns of a plant virus. *Virus.Evolution*, 1(1) : vev016. *Virology*, 145 : 1621-1638.
- WARDA (2007).** Africa Rice Center: Overview of recent developments in the Sub-Saharan African rice sector. 8p.
- Wopereis M. C. S., Defoer T., Idinoba P., Diack S., Dugué S. M. J. (2008a).** Reference 8 : Connaissance de la plante de riz. Curriculum APRA-GIR : Manuel technique. 35p
- Wopereis M. C. S., Defoer T., Idinoba P., Diack S., Dugué S. M. J. (2008b).** Reference 11 : Les effets de la température sur le développement du riz. Curriculum APRA-GIR : Manuel technique. 35p

- Wopereis M. C. S., Defoer T., Idinoba P., Diack S., SM. J. Dugué (2008c).** Référence 24: les principales maladies du riz. 3p
- Yaboue W.N. (1989).** Screening for resistance to RYMV in Ivory Coast. In : Report on Monitoring Tours to West African Countries, 1988 and 1989, Africa. International Rice Testing Programme for Africa : 50–51.
- Zan K. (1982).** A new record of rice yellow mottle virus disease in Badeggi, Nigeria. International Rice Commitee Newsletter, 31 :23-24.
- Zinga I., Longue R. D., Komba E. K., Beaumont C., Semballa (2016).** Evaluation de la teneur en protéines et en chlorophylles des feuilles de cinq variétés locales de manioc infectées par la mosaïque en République Centrafricaine. *Tropicultura*, 34, 1, 3-9
- Zouzou M., Kouakou T. H., Koné K., Issaka S. (2008).** Screening rice (*Oryza sativa* L.) varieties for resistance to rice yellow mottle virus. *Scientific Research and Essay* Vol.3 (9) : 416-424.

ANNEXES

Annexe 1 : Liste et composante des tampons

A. Tampons utilisées pour l'inoculation

- **Tampon phosphate à 0.05 M pH 7.00**
 - KH_2PO_4 : 2,4g
 - K_2HPO_4 : 5,4g
 - Dissoudre dans l'eau distillée et compléter le volume à 1 litre

B. Tampon utilisées en ELISA

- **PBS (Phosphate Buffered Saline) pH 7, 0**
 - Dissoudre dans 900 ml d'eau distillée :
 - NaCl : 8 g
 - KH_2PO_4 : 0,2 g
 - $\text{Na}_2\text{HPO}_4, 2\text{H}_2\text{O}$: 1,44 g
 - KCl : 0,2 g
 - Ajuster le pH à 7,4 et compléter le volume à 1 litre avec l'eau distillée.
- **PBS-Tween (PBS-T) : Tampon PBS contenant 0,05% de Tween 20** ($\text{C}_{58}\text{H}_{114}\text{O}_{26}$).
- **Tampon de coating** : tampon carbonate 50 mM, pH 9,6.
 - Dissoudre dans 900 ml d'eau distillée :
 - Na_2CO_3 : 1,59 g
 - NaHCO_3 : 2,93 g
 - Ajuster le pH à 9,6 et compléter à 1 litre avec de l'eau distillée.
- **Tampon antigène** : Tampon PBS-T contenant 2% de Polyvinylpyrrolidone (PVP40)
- **Tampon anticorps** : Tampon antigène contenant 1% de lait écrémé
- **Tampon substrat**
 - Diethanolamine ($\text{C}_4\text{H}_{11}\text{NO}_2$) : 97 ml
 - H_2O : 800 ml
 - Ajuster le pH à 9,8 avec du HCl et compléter à 1 litre avec de l'eau distillée.

C. Tampons d'électrophorèse de l'ADN

- **Tampon TBE**
 - Trizma base 100 mM
 - Acide borique 100 mM
 - EDTA : 6 mM

- **Tampon 50X TAE**

- Trizma base : 242g/500 ml d'eau stérile
- EDTA pH 8 0,5 M/100 ml d'eau stérile
- Acide acétique glacial : 57,1 ml

- **6 X Tampon de charge a pH 7,5 (électrophorèse) :**

- Bromophenol : 0,25%
- Glycérol : 40%
- EDTA : 6 mM

D. Calcul du seuil de détection (Sd)

$Sd = DO \text{ moyenne du témoin sain (feuille saine)} + (2 \times \text{écart type})$

Annexe 2 : Coordonnées géographiques des échantillons de graines d'adventice

Echantillons	Latitude	Longitude
B1	11° 19' 49,47"	-4° 48' 15,168"
B2	11° 19' 50,538	-4° 48' 16,008"
B3	11° 19' 47,124	-4° 48' 9,336
B4	11° 19' 32,514"	-4° 48' 20,196"
B5	11° 19' 13,226"	-4° 48' 19,854"
B6	11° 19' 11,304"	-4° 48' 32,892"
B7	11° 19' 9,93"	-4° 48' 32,376"
B8	11° 19' 7,404"	-4° 48' 21,006"
BFa1	10° 37' 48,258"	-4° 46' 41,082"
BFa2	10° 37' 51,156"	-4° 46' 43,494"
BFa3	10° 37' 49,254"	-4° 46' 43,38"
BFa4	10° 37' 44,436"	-4° 46' 38,838"
K1	10° 41' 24,09"	-4° 48' 40,986"
K2	10° 41' 14,91"	-4° 48' 51,93"
K3	10° 41' 7,53"	-4° 48' 44,964"
K4	10° 41' 7,53"	-4° 48' 44,964"
K5	10° 40' 36,336"	-4° 48' 15,39"
K7	10° 40' 4,794"	-4° 48' 49,536"
K8	10° 39' 16,662"	-4° 49' 1,95"
VDK1	11° 22' 57,96"	-4° 22' 57,96"
VDK2	11° 23' 0,63"	-4° 22' 56,376"
VDK3	11° 23' 1,476"	-4° 23' 30,42"
VDK4	11° 22' 38,394"	-4° 23' 34,578"
VDK5	11° 22' 26,412"	-4° 23' 34,794"
VDK6	11° 22' 31,512"	-4° 24' 42,306"
VDK7	11° 22' 10,08"	-4° 24' 59,19"
VDK8	11° 23' 11,238"	-4° 25' 20,742"