



HAL
open science

Caractérisation rapide de la diversité génétique des populations de *Pseudomonas syringae* dans les vergers et cultures par PCR multiplex

Benoit Borschinger, Charlotte Chandeysson, Claudia Bartoli, Caroline Guilbaud, Luciana Parisi, Jean-François Bourgeay, Elise Buisson, Cindy E. Morris

► To cite this version:

Benoit Borschinger, Charlotte Chandeysson, Claudia Bartoli, Caroline Guilbaud, Luciana Parisi, et al.. Caractérisation rapide de la diversité génétique des populations de *Pseudomonas syringae* dans les vergers et cultures par PCR multiplex. 7. Journées des Doctorants SPE, Jul 2015, Rennes, France. hal-02740524

HAL Id: hal-02740524

<https://hal.inrae.fr/hal-02740524v1>

Submitted on 2 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Caractérisation rapide de la diversité génétique des populations de *Pseudomonas syringae* dans les vergers et cultures par PCR multiplex

Benoit Borschinger^{1, 3}, Charlotte Chandeysson¹, Claudia Bartoli², Caroline Guillbaud¹, Luciana Parisi¹, Jean-François Bourgeay¹, Elise Buisson³, Cindy Morris¹

1-INRA, Unité de Pathologie Végétale, Domaine de St Maurice, BP 94, 84140 Montfavet, France

2-INRA, Laboratoire des Interactions Plantes Micro-organismes, Auzeville, 31326 Castanet Tolosan, France

3-Institut Méditerranéen de Biodiversité et d'Ecologie marine et continentale (IMBE), Université d'Avignon et des Pays de Vaucluse, UMR CNRS IRD Aix Marseille Université, Site Agroparc BP 61207, 84911 Avignon, France

Le chancre bactérien des arbres fruitiers causé par *P. syringae* engendre des pertes économiques importantes à l'échelle mondiale. Avec l'expansion du chancre du kiwi causé par *P. s. pv. actinidiae* (Psa) et le chancre de l'abricotier causé par *P. s. pv. syringae* (Pss), il est nécessaire d'identifier les réservoirs des souches pathogènes. L'un des réservoirs potentiels est le couvre-sol des vergers. Une solution pourrait être le développement de pratiques d'ingénierie écologique, plus précisément la gestion des couvre-sols dans le but de réduire leur impact en tant que source d'inoculum des maladies bactériennes des arbres fruitiers causées par *P. syringae* et augmenter leur rôle en tant que réserve de microorganismes antagonistes des pathogènes des arbres fruitiers. Cependant, avec la découverte récente de la complexité de la phylogénie de *P. syringae* et l'existence de phylogroupes renfermant plus de souches agressives que d'autres (Psa dans le phylogroupe 1, Pss dans le phylogroupe 2), l'un des premiers objectifs est le développement d'une méthode de détection spécifique, par PCR, permettant une identification rapide et précise des différents phylogroupes de *P. syringae*. Actuellement la seule méthode disponible est le séquençage de gènes spécifiques et conservés. La mise en application de cette nouvelle technique de génotypage permettrait l'analyse d'échantillons de grande taille. Cette technique pourrait également être utilisée en tant qu'outil de surveillance des champs et vergers. Effectivement, utiliser une technique ne ciblant qu'un seul pathovar peut être insuffisant sachant qu'il n'est pas rare d'avoir des espèces de plantes susceptibles à différentes souches de *P. syringae*. Ici seront présentés la mise au point de cette technique, ainsi qu'un exemple d'application concret (la structure des populations de *P. syringae* en vergers de kiwis).