HAL
open science

Diversité et structuration des populations de Pseudomonas syringae en vergers d'abricotier

Luciana Parisi, Benedicte Morgaint, Benoit Borschinger, Caroline Guilbaud, Charlotte Chandeysson, Freddy Combe, Jean-François Bourgeay, Odile Berge, Laurent Brun, Marie-Lisa Brachet, et al.

▶ To cite this version:

Luciana Parisi, Benedicte Morgaint, Benoit Borschinger, Caroline Guilbaud, Charlotte Chandeysson, et al.. Diversité et structuration des populations de Pseudomonas syringae en vergers d'abricotier. 12. Rencontres Plantes-Bactéries, Jan 2016, Aussois, France. , 2016, 12ièmes Rencontres Plantes-Bactéries, 11-15 janvier 2016, Centre Paul Langevin 75300 Aussois. hal-02743174

HAL Id: hal-02743174

https://hal.inrae.fr/hal-02743174

Submitted on 3 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.

Diversité et structuration des populations de *Pseudomonas syringae* en vergers d'abricotier

Luciana Parisi[1], Bénédicte Morgaint[1], Benoit Borchinger[1], Caroline Guilbaud[1], Charlotte Chandeysson[1], Freddy Combe[2], Jean-François Bourgeay[1], Odile Berge[1], Laurent Brun[2], Marie-Lisa Brachet[3] et Cindy E. Morris[1]

1 - INRA, UR0407 Pathologie végétale, 67, allée des chênes, CS 60094 F-84143 Montfavet cedex, France
2 – INRA, UERI, Domaine de Gotheron, 26320 Saint Marcel-lès-Valence, France
3 - CTIFL, Centre de Lanxade, 28 Route des Nebouts, 24130 Prigonrieux, France

Le groupe des *Pseudomonas syringae* est très divers, au niveau phénotypique, génétique et de ses habitats. Récemment, 13 phylogroupes et 23 clades qui prennent en compte la diversité génétique et celle des habitats de cette bactérie ubiquiste ont été décrits (Berge et al., 2014). Des outils moléculaires permettant d'identifier les *P. syringae* et leur phylogroupes ont été développés au laboratoire (Borschinger et al., soumis), et nous permettent de travailler sur de relativement grands effectifs d'isolats bactériens. Avec ces outils, en réalisant nous-même des prélèvements dans des vergers ciblés en 2014 et 2015, et en collaboration avec le CTIFL qui a réalisé deux importantes prospections en 2011-2012, nous avons exploré la diversité des *P. syringae* rencontrés dans 36 vergers d'abricotiers de la vallée du Rhône, où le chancre bactérien était présent, et ce dans différents compartiments : le sol, le couvre-sol, les débris de culture, la plante (greffon) à différents stades de son développement, les racines (porte-greffe), la plante avec ou sans symptômes déclarées. Les résultats obtenus montrent que, parmi les 2436 isolats collectés, les isolats potentiellement pathogènes proviennent de 4 phylogroupes différents qui montrent une grande diversité; par ailleurs, certains phylogroupes sont ubiquistes et d'autres spécialisés. Le sol, le couvre-sol, les débris de culture, la plante (avec ou sans symptômes visibles) sont des réservoirs potentiels de la maladie. Les conséquences en termes d'étiologie et détection du chancre bactérien de l'abricotier sont discutées.

Berge O, Monteil CL, Bartoli C, Chandeysson C, Guilbaud C, Sands DC, Morris CE, 2014. A user's guide to a data base of the diversity of *Pseudomonas syringae* and its application to classifying strains in this phylogenetic complex. *PloS one* 9(9):e105547, doi:10.1371/journal.pone.0105547

Borschinger, B., Bartoli, C., Chandeysson, C., Guilbaud, C., Parisi, L., Bourgeay, J.F., Buisson, E., Morris, C.E. (submitted) A set of PCRs for rapid identification and characterization of *Pseudomonas syringae* phylogroups. Journal of Applied Microbiology.