

Dynamique de l'adaptation de *Bremia lactucae* face aux résistances variétales de la plante hôte

Romain Valade, Claire Neema, Brigitte Maisonneuve

► **To cite this version:**

Romain Valade, Claire Neema, Brigitte Maisonneuve. Dynamique de l'adaptation de *Bremia lactucae* face aux résistances variétales de la plante hôte. Colloque national d'écologie scientifique, Sep 2010, Montpellier, France. 2010, Ecologie 2010. hal-02751391

HAL Id: hal-02751391

<https://hal.inrae.fr/hal-02751391>

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.

P02 /12 Titre : Dynamique de l'adaptation de *Bremia lactucae* face aux résistances variétales de la plante hôte

Romain Valade - Claire Neema - Brigitte Maisonneuve

De nouvelles résistances aux agents pathogènes introgressées dans les plantes cultivées sont fréquemment contournées dans différents pathosystèmes, engendrant des épidémies et des pertes économiques. En conséquence, la compréhension des stratégies évolutives impliquées dans l'adaptation des populations pathogènes est nécessaire pour améliorer la gestion durable des résistances. *Bremia lactucae*, agent pathogène de la laitue, diploïde, avec deux cycles de reproduction sexuée ou asexuée, est soumis aux fortes pressions de sélection exercées par des gènes de résistance et les modes de culture de la plante hôte (abri, plein-champ). De plus, *B. lactucae* présente cette capacité à contourner rapidement les nombreux gènes de résistance de la laitue. J'ai validé 12 microsatellites, marqueurs moléculaires neutres, pour analyser la structure génétique de *B. lactucae* en France. 520 isolats distribués dans 6 régions ont été génotypés. La faible diversité génétique et l'excès d'hétérozygotie observés sont en faveur d'une reproduction clonale importante. Par ailleurs, la faible différenciation des populations entre les régions suggère un taux de migration important. Des flux de gènes ont également été mis en évidence entre le pathosystème du compartiment sauvage et le pathosystème du compartiment cultivé. Une structuration des populations sous la pression de sélection des gènes de résistance des cultivars est également suggérée par nos résultats. Les résultats seront discutés dans l'objectif de proposer un modèle expliquant la stratégie d'évolution de *B. lactucae* face aux gènes de résistance et aux modes de culture de la plante hôte. Ainsi, nous pourrions suggérer des pistes pour une gestion plus efficace de ces gènes : quels gènes cumuler dans une variété, comment alterner les gènes dans le temps et les associer dans le paysage agricole pour améliorer la durabilité des résistances ?

Romain Valade - Grignon - romain.valade@versailles.inra.fr