



**HAL**  
open science

## Evolution moléculaire du gène d'avirulence de *Leptosphaeria maculans* AvrLm4-7 sous pression de sélection

Guillaume G. Daverdin, Laurent L. Coudard, Thierry T. Rouxel,  
Marie-Helene Balesdent

► **To cite this version:**

Guillaume G. Daverdin, Laurent L. Coudard, Thierry T. Rouxel, Marie-Helene Balesdent. Evolution moléculaire du gène d'avirulence de *Leptosphaeria maculans* AvrLm4-7 sous pression de sélection. 8. Rencontres de Phytopathologie - Mycologie de la Société Française de Phytopathologie (SFP), Jan 2010, Aussois, France. hal-02757122

**HAL Id: hal-02757122**

**<https://hal.inrae.fr/hal-02757122>**

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.

## **Reconstructing the spatiotemporal dynamics of disease outbreaks using sequence data**

**F. Balloux**

Imperial College London, Division of Epidemiology, Public Health and Primary Care, St Mary's Campus, LG26 Norfolk Place, London, UK

Epidemiology and public health planning will increasingly rely on the analysis of genetic sequence data. The ongoing swine-origin A/H1N1 influenza pandemic may represent a tipping point in this trend, with A/H1N1 being the first human pathogen routinely genotyped from the beginning of its spread. To take full advantage of such genetic information, we introduce a novel method to reconstruct the spatiotemporal dynamics of outbreaks from sequence data. The approach is based on a new paradigm where ancestries are inferred directly between sampled strains rather than through the reconstruction of most recent common ancestors (MRCAs) as in phylogenetics. I will illustrate the potential of the approach using data from A/H1N1 and ST225, a methiciline resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) clone that has undergone a dramatic expansion in Central Europe over the last ten years. I will conclude the presentation by delineating future developments to the methodology.

(1) Jombart T; Eggo RM; Dodd P; Balloux F. (2009). Spatiotemporal dynamics in the early stages of the 2009 A/H1N1 influenza pandemic. PLoS Curr Influenza. RRN1026-RRN1026.

*Keywords:* epidemiology, spatial population genetics, modeling, influenza

## Retracer l'expansion mondiale du champignon phytopathogène *Mycosphaerella fijiensis* : différentes approches phylogéographiques

S. Robert (1), M.-F. Zapater (1), C. Abadie (2), J. Carlier (1), V. Ravigné (1)

(1) CIRAD Bios, UMR BGPI, F-34398 Montpellier 5, France

(2) CIRAD Bios, UPR Multiplication Végétative, Station Neufchateau, Capesterre Belle Eau 97130, Guadeloupe

Par analogie avec les invasions biologiques, comprendre les émergences de maladies de grandes cultures nécessite de retracer leurs routes d'expansion géographique. En effet le succès invasif d'agents pathogènes de plantes et leurs capacités d'adaptation peuvent être modélés par les processus ayant accompagné leur expansion (modes de dispersion, introductions multiples, effets de fondation...). Or jusqu'à présent, peu d'études ont réussi à inférer ces processus chez des champignons phytopathogènes.

La maladie des raies noires du bananier, causée par le champignon ascomycète *Mycosphaerella fijiensis*, est un exemple de pandémie récente dans le domaine végétal. L'étude de la structure des populations de ce parasite a mis en évidence de fortes différenciations génétiques entre continents et entre pays suggérant que des événements de fondation ont accompagné sa dissémination à travers le monde. Cependant, les méthodes d'analyses utilisées ne permettaient pas d'inférer précisément les routes de cette dissémination, l'importance relative des différents modes de dispersion impliqués (anthropique vs. naturelle) et l'intensité des événements démographiques l'ayant accompagné. Dans la présente étude, nous avons combiné différentes méthodes de phylogéographie, afin de retracer plus précisément l'expansion mondiale de *M. fijiensis*. Nous avons mené dans un premier temps une analyse phylogéographique globale, grâce aux méthodes issues de la phylogénie moléculaire, sur un échantillon mondial d'une centaine d'isolats. Des marqueurs basés sur des séquences nucléaires ont ainsi été développés. La résolution de ces marqueurs nous permet de dégager plus précisément les scénarios historiques de colonisation probables à l'échelle intercontinentale. Une vingtaine de populations réparties dans toute l'aire de distribution actuelle de l'espèce ont d'autre part été génotypées avec 21 marqueurs microsatellites. On peut montrer que les méthodes d'analyse récentes basées sur la théorie de la coalescence vont plus loin dans l'inférence des scénarios de dissémination. Elles permettent en effet de travailler à des échelles spatiotemporelles plus fines et d'inférer des événements démographiques associés à la dissémination (goulots d'étranglements, expansions rapides ...). Cette étude donne ainsi l'occasion de discuter des inconvénients, des avantages et de la complémentarité de ces différents types d'analyses pour inférer l'histoire évolutive des populations de champignons pathogènes.

*Mots-clés* : Maladie émergente, phylogéographie, dispersion, *Mycosphaerella fijiensis*, *Musa* sp.

## Structure génétique et origine géographique d'une épidémie de rouille du peuplier dans la vallée de la Durance

C. Xhaard, A. Andrieux, B. Fabre, P. Frey, F. Halkett

INRA, Nancy-Université, UMR1136 Interactions Arbres - Microorganismes, F-54280 Champenoux, France

La quantification des flux de gènes entre populations d'agents pathogènes évoluant sur des plantes hôtes cultivées et sauvages revêt une grande importance pour la gestion des résistances aux maladies. Les populations pathogènes hébergées dans le compartiment sauvage constituent un réservoir de diversité génétique à partir duquel peuvent émerger de nouveaux individus virulents. En outre, l'introgression dans le compartiment sauvage de facteurs de virulence préalablement sélectionnés dans le compartiment cultivé peut constituer une contrainte forte pour la gestion des résistances déployées. La rouille du peuplier, causée par *Melampsora larici-populina*, constitue la principale contrainte phytosanitaire en populiculture. Depuis 1980, le cultivar 'Beaupré' porteur du gène de résistance R7 a été majoritairement planté en France et est resté immun pendant 15 ans, mais une fois contourné par l'agent pathogène, des épidémies drastiques se sont développées. Les isolats de *M. larici-populina* porteurs de la virulence 7 (Vir7) se sont largement dispersés et ont également introgressé les populations infectant l'hôte sauvage, *Populus nigra*, sur l'ensemble du territoire. Le site de la vallée de la Durance semble toutefois préservé de cette introgression grâce à son isolement géographique et son enclavement dans les Alpes. Dans cette vallée où coexistent à la fois une ripisylve à *P. nigra* et quelques plantations (portant notamment le cultivar 'Beaupré'), une épidémie clonale se propage chaque année le long de la rivière. Elle est initiée par un événement de reproduction sexuée du champignon dans la partie amont (dû à la présence de mélèzes, l'hôte alternant de *M. larici-populina*). Cette épidémie permet de suivre annuellement la dynamique d'introgression des isolats Vir7 dans le fond génétique sauvage. Malgré l'admixture (mélange d'isolats Vir7 et Avr7) observée dans les sites sauvages les plus en aval, nous avons constaté un maintien de la différenciation génétique (et peu de flux de gènes contemporain) entre les isolats Vir7 et Avr7. Dans un second temps, nous avons recherché quels pourraient être les facteurs expliquant cette différenciation et son maintien au cours du temps. Nous avons en particulier testé l'effet du relief très prononcé dans la partie amont de la vallée sur l'isolement reproducteur des deux entités génétiques.

*Mots-clés* : Génétique de l'épidémie, Cultivé/Sauvage, Dispersion, Rouille du peuplier

## Génétique du paysage dans la zone d'origine du champignon phytopathogène *Microcyclus ulei*.

B. Barrès (1,2), V. Ravigné (1), C. Cilas (2), D. Lo Seen (3), J. Carlier (1)

(1) CIRAD Montpellier, Equipe biologie et évolution des champignons phytopathogènes, UMR BGPI, IFR 119, 34398 Montpellier, France

(2) CIRAD Montpellier, Maîtrise des bioagresseurs des cultures pérennes, UPR31, 34398 Montpellier, France

(3) CIRAD Montpellier, Territoires, Environnement, Télédétection et Information Spatiale, UMR TETIS, 34398 Montpellier, France

La génétique du paysage se propose d'étudier l'impact des caractéristiques géographiques et environnementales sur la variabilité génétique des populations (Manel *et al.*, 2003). Comprendre les relations entre une organisation spatiale complexe et la structuration génétique d'une espèce permet aussi une meilleure compréhension de ses caractéristiques propres. Celles-ci peuvent être biologiques (taille des populations, capacité à la dispersion ...) ou liés à l'histoire de l'espèce (e.g. événements démographiques), et revêtent potentiellement une grande importance dans la mise en place de stratégies de gestion des populations efficaces. *Microcyclus ulei*, agent pathogène responsable de la maladie sud-américaine des feuilles de l'hévéa (SALB), a pour origine la forêt primaire du sud du bassin amazonien. Sa récente et rapide diffusion dans l'ensemble de l'Amérique du sud et de l'Amérique centrale a empêché le développement d'une hévéaculture rentable dans ces régions. Comment expliquer la rapidité de la dispersion de ce champignon pathogène à l'échelle continentale à partir de son aire d'origine ? La forêt amazonienne peut-elle jouer un rôle de réservoir de diversité et ainsi avoir un impact sur les capacités d'adaptation de *M. ulei* ? C'est pour répondre à ces questions qu'une étude de génétique du paysage a été entreprise au Brésil sur les populations de *M. ulei*. L'état brésilien du Mato Grosso se trouve à l'interface entre une zone de grande culture et la zone d'origine de *M. ulei*. L'utilisation d'outils de télédétection a permis de dresser une cartographie des plantations d'hévéa (taille, densité, fragmentation) à l'échelle de l'état. La caractérisation génétique des populations a été réalisée à l'aide de marqueurs microsatellites. L'emploi de méthodes d'analyses multivariées a permis de mettre en relation la structure géographique des parcelles de la plante hôte, les données topographiques et climatiques de la zone étudiée et les données de diversité et de structuration génétique.

(1) Manel S, Schwartz K, Luikart G, Taberlet P. 2003. Landscape genetics: Combining landscape ecology and population genetics. Trends in Ecology and Evolution 18: 89 -197.

Mots-clés : landscape genetics, *Microcyclus ulei*, population genetic

**Une étude par simulations des déterminants de l'adaptation à une nouvelle niche chez les espèces envahissantes.**

**E. Bazin,** H. Mathé, J. Carlier, V. Ravigné

UMR BGPI CIRAD TA A-54/K Campus International de Baillarguet, 34398, MONTPELLIER cedex 5

L'adaptation est considérée comme un facteur pouvant déterminer la capacité d'une espèce à devenir envahissante. Paradoxalement, par soucis de simplification et de généralisation, les modèles analytiques en génétique des populations sont limités aux populations purement sexuées ou purement asexuées et dans des conditions d'équilibre mutation/sélection/dérive. Ces modèles ne sont pas pertinents pour bon nombre d'espèces envahissantes (ex: les champignons phytopathogènes) qui présentent des dynamiques d'expansion et sont capables des deux modes de reproduction simultanément ou successivement au cours de leur cycle de vie. Afin de mieux comprendre les déterminants du succès d'invasion chez de telles espèces, nous avons développé un modèle démo-génétique basé sur le logiciel de simulations quantiNemo que nous avons amélioré pour le rendre capable de reproduction partiellement asexuée et de gérer des individus haploïdes ou diploïdes. Nous simulons le scénario suivant : depuis une population source à l'équilibre, des individus sont introduits dans une population puits vide au départ et présentant un paysage adaptatif différent. Un trait quantitatif codé par plusieurs loci peut évoluer sur ce paysage en fonction de la mutation, des pressions de sélection et de la dérive génétique. À partir des sorties de ce modèle, nous étudions l'effet du taux d'asexualité, du taux de mutation et de la pression de propagule sur la dynamique d'expansion dans la population puits. Nous montrons notamment que la probabilité et la dynamique d'invasion sont affectées fortement par le système de reproduction, les meilleurs envahisseurs étant les espèces combinant une faible part de sexualité à la reproduction asexuée. Nous discutons des implications de ces résultats pour la compréhension des émergences et bioinvasions.

*Mots-clés* : Source, puits, asexualité, sexualité

## Dispersion à longue distance et spéciation : structure génétique spatiale des populations du Basidiomycète ectomycorhizien *Laccaria amethystina* à l'échelle continentale

L. Vincenot (1), C. Sthultz (1), J. Labbé (2), M. Roy (1), M.-P. Dubois (1), F. Martin (2), M-A. Selosse (1)

(1) Centre d'Ecologie Fonctionnelle et Evolutive, CNRS, équipe Interactions biotiques. 1919, route de Mende 34293 Montpellier Cedex 05, France.

(2) UMR 1136 INRA/Nancy Université, Interactions Arbres - Microorganismes, INRA Nancy, 54280 Champenoux, France.

*Laccaria amethystina* est une espèce basidiomycète ectomycorhizienne, symbiote d'une large gamme d'hôtes des forêts tempérées d'Europe et d'Asie. Nous avons étudié les populations de cette espèce modèle à différentes échelles spatiales, du suivi local à son aire de répartition géographique. À l'aide de marqueurs génétiques préalablement publiés ou bien choisis sur la base du génome de *L. bicolor* (Martin *et al.* 2008), nous avons, de façon complémentaire, caractérisé la structure génétique spatiale de populations européennes et est-asiatiques de *L. amethystina*, et réalisé une phylogénie multi-locus sur son aire de répartition. Nos travaux révèlent une population européenne panmictique, avec des flux géniques multidirectionnels significatifs ( $F_{ST} = 0,001$  à  $0,134$ ) sur une distance de 2900 km (Vincenot *et al.* en préparation) ; ce modèle de dispersion à longue distance pourrait être relayé par l'adaptabilité de *L. amethystina* à la diversité des conditions environnementales des milieux forestiers européens (Roy *et al.* 2008 ; Vincenot *et al.* en préparation). D'autre part, notre étude révèle une très forte différenciation génétique entre les populations européennes et asiatiques ( $F_{ST} = 0,434$  sur 10000 km) de *L. amethystina*, confirmée par leur distinction en deux clades phylogénétiques disjoints et fortement soutenus. Il s'agirait d'un phénomène de spéciation allopatrique entre l'Europe et l'Asie au sein de *L. amethystina*, potentiellement lié à l'existence de barrières géographiques sur cette grande distance. Ainsi, notre étude de la biogéographie de *L. amethystina* en Eurasie révèle, grâce à l'association de deux approches moléculaires complémentaires, (i) un modèle original de dispersion à longue distance chez un champignon ectomycorhizien européen et (ii) une hypothèse de spéciation au sein d'une espèce cosmopolite. D'autre part, nos travaux ont révélé différentes positions mal résolues dans la phylogénie des laccaires, ouvre la voie à des recherches ultérieures sur la biogéographie d'autres espèces de laccaires.

(1) Martin *et al.* (2008). The genome of *Laccaria bicolor* provides insights into mycorrhizal symbiosis. *Nature*, 452 : 88-93

(2) Roy *et al.* (2008). Evidence from population genetics that the ectomycorrhizal basidiomycete *Laccaria amethystina* is an actual multi-host symbiont. *Molecular Ecology*, 17 (12) : 2825-2838

(3) Vincenot *et al.* (en préparation). Wide-scale population genetics of the ectomycorrhizal Basidiomycete *Laccaria amethystina* reveal extensive gene flow over Europe and putative speciation over Eurasia.

*Mots-clés* : ectomycorhize, génétique des populations, phylogénie, spéciation, adaptation

## Evolution moléculaire du gène d'avirulence de *Leptosphaeria maculans* AvrLm4-7 sous pression de sélection

G. Daverdin, L. Coudard, T. Rouxel et M.-H. Balesdent

INRA-AgroParisTech UMR 1290 BIOGER-CPP (bât 13) Avenue Lucien Brétignières BP 01, 78850 Thiverval-Grignon

*Leptosphaeria maculans*, agent de la nécrose du collet des crucifères, est un agent pathogène majeur du colza et un modèle pour l'étude des interactions gène-pour-gène et de leur évolution sous pression de sélection. Dans ce pathosystème, le succès ou l'échec de l'infection dépend de l'interaction directe ou indirecte entre gènes d'avirulence (AVR) de l'agent pathogène et gènes de résistance (R) de la plante. Trois gènes AVR ont été clonés au laboratoire : AvrLm1, AvrLm6 et AvrLm4-7. Tous sont localisés dans un environnement génomique riche en éléments répétés inactifs et sont ainsi isolés des autres séquences codantes du génome. Un tel environnement influe sur les mécanismes d'évolution des gènes AVR sous pression de sélection. Le clonage d'AvrLm4-7 et l'utilisation récente de Rlm7 dans les variétés de colza (2005) nous fournissent ainsi un contexte de choix pour étudier en temps réel l'évolution moléculaire d'AvrLm4-7. Sur trois années de culture (2006-2008), plus de 1600 souches (issues de cultivars portant ou non le gène de résistance Rlm7) provenant d'un site agricole (Grignon) ont fait l'objet d'un phénotypage. Environ 1000 souches ont été génotypées au locus AvrLm4-7 (PCR puis séquençage lorsque possible et pertinent) et un peu plus de 800 souches virulentes ont ainsi été caractérisées. Tous les événements décrits à ce jour dans la littérature permettant l'inactivation d'un gène d'avirulence ont été retrouvés dans cette unique parcelle. La délétion et l'inactivation par RIP (Repeat Induced Point mutation) d'AvrLm4-7 représentent les deux événements les plus fréquemment retrouvés. S'ajoutent à ces mécanismes d'inactivation, plusieurs événements plus occasionnels tels que la délétion partielle du gène, l'insertion d'éléments transposables, la mutation ponctuelle d'un ou plusieurs nucléotides ou encore la sous expression d'AvrLm4-7. N'ayant encore jamais été répertoriés comme inactivateurs de l'avirulence ailleurs que chez *L. maculans*, le RIP et la délétion d'un di-nucléotide attirent plus particulièrement l'attention. L'analyse dynamique sur trois ans montre une forte augmentation de la proportion de souches ayant subi la délétion d'AvrLm4-7 entre 2006 et 2007 puis une stabilisation de celle-ci en 2008. Le nombre de souches possédant l'allèle AvrLm4-7 « RIPé » diminue quant à lui, de façon drastique. Afin de préciser la dynamique des souches de la parcelle durant ces trois années, une analyse de génétique des populations est en cours.

Mots-clés : *Leptosphaeria maculans*, évolution moléculaire, gène d'avirulence, RIP

## Evolution non-neutre chez un effecteur candidat de *Venturia inaequalis* en lien avec la domestication du pommier

C. Lemaire (1), C. Rousseau (1), T. Leroy (1), A. Lê Van (1), P. Gladieux (1,2), B. Le Cam (1)

(1) UMR PAVE 77 INRA- AgroCampus Ouest-Université d'Angers 42, rue Georges Morel 49071 F-Beaucouzé France

(2) Laboratoire ESE, UMR8079, CNRS/Université Paris Sud/AgroParisTech, Université Paris-Sud, Bâtiment 360 F-91405 Orsay cedex

La domestication a un impact considérable sur l'évolution des interactions entre hôte et parasite. En effet, pour un organisme pathogène, la domestication de son hôte revient à l'apparition d'un nouvel hôte potentiellement colonisable. Il est donc probable que la survie sur l'hôte nouvellement domestiqué soit liée à des changements adaptatifs, notamment sur les locus impliqués directement dans l'interaction avec l'hôte. *Venturia inaequalis* est l'agent responsable de la tavelure du pommier. Nous avons montré que l'origine de ce champignon ascomycète se situe en Asie où il attaque le pommier sauvage *Malus sieversii*, ancêtre du pommier domestique. Afin de mieux comprendre les changements évolutifs liés à la domestication chez *V. inaequalis*, nous avons entrepris l'analyse de la variation moléculaire de plusieurs gènes potentiellement impliqués dans les interactions avec le pommier. Ainsi des souches ont été prélevées sur des *Malus* de diverses régions du monde et notamment dans le centre de domestication en Asie Centrale (Kazakhstan) où a été identifiée une population génétiquement isolée que nous avons qualifiée d'« ancestrale ». Dans la présente étude, seul la variation génétique au gène Vice16 (*Venturia inaequalis* Candidate Effector 16) portant sur 77 souches est présentée. L'analyse de la diversité génétique montre que ce gène présente un niveau de polymorphisme élevé, en comparaison avec d'autres loci (gènes de ménage ou microsatellites). La généalogie du gène révèle deux clades clairement divergents : l'un comprenant les souches « ancestrales » échantillonnées sur *M. sieversii* dans les forêts du Kazakhstan, l'autre portant une majorité de souches présentes sur hôtes domestiques et sauvages européens colonisés après la domestication. Un test de McDonald-Kreitman comparant les polymorphismes intra clade « domestique » à la divergence avec le clade « ancestral » permet de rejeter l'hypothèse d'une évolution neutre à ce gène. Enfin, le test de Tajima réalisé sur une partie du clade « domestique » indique la trace d'un événement de balayage sélectif causé par la dernière substitution en acide aminé. L'ensemble de ces résultats suggère que la dernière substitution non-synonyme pourrait être impliquée dans la capacité du pathogène d'infecter les hôtes nouvellement domestiqués et de se propager à travers le Monde. Cette étude constitue une des premières preuves d'un changement adaptatif d'un pathogène, en réponse à la domestication de son hôte

Mots-clés : *Venturia inaequalis*, domestication, evolution non-neutre

## **Un cadre théorique pour étudier les interactions plantes - champignons pathogènes foliaires**

**A. Andanson** (1,2), E. Fournier (2), F. Grogard (3), F. Halkett (1), L. Mailleret (4), D. Tharreau (2), V. Ravigné (2)

(1) INRA-Nancy Université, UMR 1136 IAM, Route d'Amance 54280 Champenoux

(2) INRA-CIRAD-SupAgro, UMR BGPI, TA A 54/K Campus International de Baillarguet 34398 Montpellier cedex 5

(3) Projet COMORE, INRIA Sophia-Antipolis, 2004 route des Lucioles BP 93 06902 Sophia Antipolis Cedex FRANCE

(4) INRA, UR 880, URIH, 400 route des Chappes BP 167, 06903 Sophia Antipolis Cedex

Les organismes vivant tirent leurs ressources de l'environnement et les allouent aux différentes fonctions biologiques assurant leur développement (croissance, survie, reproduction...). Or les ressources disponibles dans un environnement donné sont finies et même la plupart du temps limitantes. L'individu doit donc faire des compromis dans l'allocation des ressources à ses différentes fonctions biologiques. Ces compromis vont se retrouver au niveau des traits d'histoire de vie (âge et taille à maturité, nombre de descendants...), conditionnant ainsi les capacités d'adaptation des individus à leur environnement. Chez les champignons phytopathogènes, on peut distinguer deux modes d'exploitation des ressources contrastés : la nécrotrophie, où le pathogène exploite des tissus végétaux préalablement nécrosés, et la biotrophie, où le pathogène détourne des nutriments de la plante sans dégrader ses tissus. Le mode d'exploitation conditionne l'accessibilité aux ressources, qui conditionne à son tour la stratégie d'allocation des ressources et les compromis entre traits d'histoire de vie. Etudier les stratégies d'allocation des ressources et leurs déterminants permet ainsi de mieux comprendre les interactions entre plantes et champignons pathogènes foliaires. Nous nous sommes intéressés à cette problématique par une approche de modélisation. Nous avons déterminé la stratégie optimale d'allocation des ressources entre croissance mycélienne et sporulation, pour des champignons nécrotrophes et biotrophes. Les stratégies optimales varient en fonction du mode d'exploitation des ressources du champignon. Nous avons ensuite étudié les conséquences de ces différentes stratégies d'allocation sur les traits d'histoire de vie des pathogènes, dont certains sont associés à l'agressivité. Enfin nous avons testé certaines de nos prédictions théoriques sur les champignons nécrotrophes par des expériences sur le principal pathogène du riz, *Magnaporthe oryzae*. En perspective, nous discuterons des implications potentielles de ces résultats au niveau de l'agressivité des champignons pathogènes foliaires.

*Mots-clés* : stratégie optimale d'allocation des ressources, compromis, biotrophe, nécrotrophe, traits d'histoire de vie, agressivité

## **Sur les déterminants évolutifs de la période de latence chez *Phytophthora infestans***

**F. Hamelin**, J. Montarry\*, and D. Andrivon

INRA, UMR1099 BiO3P, F-35653 Le Rheu, France.

\*Adresse actuelle : INRA, UR407 Pathologie Végétale, F-84143 Montfavet, France.

Chez les pathogènes qui se transmettent via la production de spores, la période de latence est un trait d'histoire de vie analogue à l'âge de première reproduction. S'il existe un compromis entre croissance et reproduction, peut-on prédire la réponse évolutive du pathogène à un changement dans la relation qui régit ce compromis ? En couplant des données expérimentales sur *Phytophthora infestans* à un modèle mathématique simple, nous montrons (i) qu'il existe un compromis entre croissance et reproduction, et (ii) que les isolats virulents au gène de résistance R10 sont moins aptes à d'autres égards, et investissent plus dans la reproduction que les avirulents. Outre qu'il propose un cadre conceptuel et évolutionniste à l'analyse de l'allocation de ressources aux croissance et reproduction chez les pathogènes qui se transmettent via la production de spores, le modèle est quantitativement cohérent avec l'observation.

*Mots-clés* : modèle SEIR, ESS, épidémiologie évolutive, prédiction quantitative

**L'investissement de *Phytophthora infestans* (agent du mildiou) dans la reproduction sexuée dépend des composantes de résistance de son hôte (*Solanum tuberosum*, la pomme de terre)**

J. Clément, H. Magalon, B. Marquer, D. Andrivon

INRA Centre de Rennes UMR 1099 BiO3P Domaine de la Motte BP 35327, 35653 Le Rheu cedex

*Phytophthora infestans*, agent du mildiou de la pomme de terre (*Solanum tuberosum*), est un oomycète hétérothallique capable de se reproduire de manière asexuée (spores) et sexuée (oospores). Les oospores, très résistantes, sont capables de survivre plusieurs années dans le sol et représentent donc un risque épidémique à long terme. De plus, leur origine sexuée rend possible les événements de recombinaison, favorables à l'apparition de nouveaux génotypes potentiellement plus adaptés à leur hôte ou aux conditions environnementales. Quantifier leur production représente donc une bonne mesure de la fitness de *P. infestans*. La formation d'oospores implique la rencontre du mycélium de deux partenaires sexuellement compatibles (appelés A1 et A2) au sein des organes de la plante hôte. La résistance non spécifique (ou partielle) de *S. tuberosum* modifie les paramètres épidémiques de l'agent pathogène sans interdire l'infection. Elle peut donc impacter la rencontre entre les deux partenaires et donc modifier leur production d'oospores. Nous avons cherché quelle(s) modification(s) conditionnées par l'hôte des paramètres épidémiques du parasite (latence, sporulation et croissance de la lésion) ont un effet sur l'investissement dans la reproduction sexuée (production d'oospores) chez 8 couples (formés à partir des combinaisons possibles entre 4 isolats A1 et 2 isolats A2). Pour un couple donné, nous avons inoculé neuf variétés de pomme de terre présentant des niveaux de résistance partielle différents (foliole détachée). Les partenaires sont inoculés soit en deux points (distants de 30mm), soit au même point. Dans le cas de l'inoculation en deux points, les analyses statistiques montrent qu'un effet de l'hôte sur la latence engendre un retard de la production d'oospores sans que la vitesse de croissance ne semble avoir d'effet significatif. Dans le cas de l'inoculation au même point, l'effet significatif de l'hôte sur la vitesse de croissance de la lésion laisse penser que la biomasse mycélienne est corrélée à la production d'oospores. Dans les deux cas, une diminution de la sporulation asexuée induite par l'hôte entraîne une diminution de la sporulation sexuée, ce qui laisse entendre un effet conjoint de l'hôte sur les deux types de sporulation. Ces résultats seront utilisés pour développer un modèle de dynamique adaptative afin d'évaluer la durabilité des résistances partielles. Ils soulèvent également de nouvelles questions sur notre agent pathogène, plus particulièrement sur les éventuelles modifications de la stratégie de reproduction asexuée lorsqu'il lui est donné la possibilité de se reproduire de façon sexuée.

*Mots-clés* : reproduction sexuée, fitness, résistance de l'hôte, *P. infestans*, oomycete

## La reproduction sexuée de *Magnaporthe oryzae* existe-t-elle au champ ?

D. Saleh (1,2), E. Fournier (1), D. Tharreau (2)

(1) INRA, UMR BGPI, TA A54K, 34398 Montpellier cedex 05.

(2) CIRAD, UMR BGPI, TA A54K, 34398 Montpellier cedex 05.

*Magnaporthe oryzae* est un champignon pathogène du riz et d'autres Poacées. Chez cet Ascomycète, la reproduction sexuée n'a jamais été observée dans la nature mais certaines souches gardent la capacité de se croiser en conditions contrôlées. *M. oryzae* est hétérothallique, la reproduction sexuée nécessite donc 2 souches de signes de compatibilité sexuelle (SCS) opposés (Mat1.1 et Mat1.2 codés par 2 gènes différents au locus MAT). De plus, au moins une des 2 souches doit être femelle-fertile, c'est à dire capable de différencier les périthèces, structures femelles où se déroule la méiose. La structure génétique des populations collectées sur riz suggère un mode de reproduction majoritairement asexué dans presque toute l'aire de répartition. Mais l'existence de reproduction sexuée dans l'aire d'origine supposée de l'agent pathogène, le Piémont Himalayen, est suspectée. Dans un premier temps, nous avons essayé de localiser les zones où la reproduction sexuée pourrait se produire en étudiant la distribution des SCS et de la fertilité femelle dans 54 pays. Le SCS et la fertilité femelle de plus de 2 400 souches ont été testés par croisement avec des souches de référence. Le SCS de 900 souches supplémentaires a été déterminé par PCR. En Europe, seul le SCS Mat1.1 a été détecté, ailleurs les 2 SCS sont présents. La très grande majorité des souches femelle-fertiles (139/142) a été détectée en Asie. Dans les pays du Piémont Himalayen, la fréquence de souches femelle-fertiles est élevée (parfois plus de 70%) et les fréquences des deux SCS sont équilibrées. Nous avons donc étudié la structure génétique de 4 populations de cette zone (Chine et Thaïlande) pour déterminer si elle est compatible avec l'existence de reproduction sexuée. Les souches ont été génotypées à l'aide de 25 marqueurs microsatellites. La recombinaison étant l'une des conséquences les plus importantes de la reproduction sexuée, le taux de recombinaison a été estimé en utilisant différentes méthodes : l'estimation du déséquilibre de liaison multilocus (indices d'association), puis des méthodes de maximum de vraisemblance. Cette étude a aussi été faite sur 4 populations mondiales présumées asexuées. Par ailleurs, le polymorphisme des gènes MAT a été étudié sur ces souches, et les premiers résultats sont cohérents avec les tests biologiques. A ce stade, les données sont encore en cours d'obtention mais les premiers résultats vont dans le sens d'une reproduction sexuée dans certaines populations de la zone d'origine (Chine).

Mots-clés : reproduction, *Magnaporthe*, type sexuel

**Caractérisation de populations françaises invasives de *Phytophthora infestans*, agent du mildiou de la pomme de terre (2006-2008)**

H. Magalon, F. Boulard, D. Andrivon, R. Corbière

UMR BiO3P 1099, INRA/Agrocampus/Université Rennes 1, Domaine de la Motte, BP 35327, 35653 Le Rheu Cedex, France

*Phytophthora infestans*, agent responsable du mildiou de la pomme de terre, est un oomycète hétérothallique dont les deux types sexuels (A1 et A2) sont potentiellement capables de reproduction sexuée quand mis en présence l'un de l'autre. Depuis 2003, en France, a eu lieu l'expansion rapide des souches de type sexuel A2 au détriment de souches A1. Afin de mieux comprendre le fonctionnement des populations de ce bioagresseur et l'impact de la reproduction sexuée sur l'évolution des populations pathogènes, une approche pluridisciplinaire a été réalisée combinant génétique des populations et phénotypage (virulence et résistance à un fongicide) sur 480 isolats prélevés dans trois grandes régions de production de pomme de terre (Bretagne, Nord et Centre) sur trois années de culture (2006-2008). Les isolats A2 présentent des profils de virulence plus complexes que les isolats A1. De plus, la fréquence des isolats résistants au métalaxyl est plus élevée chez les A2 que chez les A1. Ces différents traits, possiblement adaptatifs, pourraient expliquer en partie l'expansion des souches A2 en France. Par ailleurs, le génotypage réalisé à l'aide de 12 loci microsatellites révèle une très forte différenciation génétique entre les deux types sexuels ( $F_{st} = 0.41^{***}$ ), avec une plus faible différenciation génétique entre les trois bassins de production et les années au sein d'un même type sexuel ( $F_{st}$  significatifs de l'ordre de 0.1). Des tests d'assignation devraient nous permettre de détecter des génotypes recombinants issus de la reproduction sexuée dont le rôle peut être déterminant dans le développement des épidémies et la gestion durable des résistances variétales.

*Mots-clés* : *Phytophthora infestans*, virulence, résistance, variabilité génétique, reproduction sexuée