



HAL
open science

Conséquences génomiques de l'adaptation à l'hôte chez l'agent de la rouille du peuplier

Agathe Maupetit, Antoine Persoons, Vincent Segura, Thomas Coudoux,
Pascal Frey, Stéphane de Mita, Fabien Halkett

► To cite this version:

Agathe Maupetit, Antoine Persoons, Vincent Segura, Thomas Coudoux, Pascal Frey, et al.. Conséquences génomiques de l'adaptation à l'hôte chez l'agent de la rouille du peuplier. 38. colloque Le Petit Pois Dérivé, réunion du Groupe de Génétique et Biologie des Populations, Jun 2017, Saclay, France. 1 p. hal-02788070

HAL Id: hal-02788070

<https://hal.inrae.fr/hal-02788070>

Submitted on 5 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.

Session 7 – Interactions hôte-pathogène

Take a walk on the wildside : une histoire génomique des apports des populations sauvages d'un champignon pathogène du pommier

Lemaire C., Leroy T., De Gracia M. et Bruno Le Cam

IRHS UMR1345 INRA, Université d'Angers, Agrocampus Ouest, 42 rue G. Morel, 49071 Beaucouzé, France

La domestication puis les développements de l'agriculture ont permis l'apparition de nouveaux environnements pour les organismes pathogènes. La sélection récurrente a en effet provoqué de profonds et rapides changements phénotypiques et génotypiques chez les organismes cultivés. Alors que ces changements sont bien décrits chez de nombreuses espèces animales, végétales et microbiennes, on connaît encore mal leur impact sur leurs parasites. Est-ce que l'évolution rapide des hôtes a conduit les organismes pathogènes vers un nouvel optimum phénotypique? Sous ce scénario d'« host-tracking », ces signatures génomiques de sélection positive devraient être plus nombreuses dans la population infectant les hôtes domestiques que sur celle trouvée sur hôte sauvage. Ces balayages sélectifs devraient, en effet, refléter les adaptations successives aux changements imposés par l'Homme chez l'hôte. Cependant, la domestication ou l'amélioration génétique se font généralement loin des populations ancestrales sauvages, y compris pour les organismes pathogènes. Sous ce scénario divergence en allopatrie, même suivie d'un contact secondaire, il devient complexe d'identifier l'architecture génétique des adaptations locales, voire de l'isolement reproductif entre populations sauvages et agricoles d'organismes pathogènes. En effet, il est alors complexe de distinguer les locus véritablement impliqués dans l'adaptation aux agrosystèmes sensu largo (barrières endogènes) de ceux impliqués dans la dépression hybride (barrières exogènes). Nous présentons l'histoire évolutive d'un champignon ascomycète responsable de la tavelure du pommier, *Venturia inaequalis*. Ce champignon infecte non seulement les pommiers domestiques mais aussi de nombreuses autres espèces sauvages, dont l'ancêtre principal du pommier domestique, *Malus sieversii* en Asie Centrale. Les études menées depuis une décennie par notre équipe montrent i) que cette espèce est structurée en plusieurs populations divergentes en fonction des hôtes, ii) que dans au moins deux exemples ces populations sont partiellement isolées reproductivement, iii) que bien que la structure des populations reflète un isolement écologique, les barrières d'isolement peuvent être aussi non-écologiques et iv) que la création variétale peut incidemment favoriser l'émergence de nouvelles populations au sein des vergers.

Conséquences génomiques de l'adaptation à l'hôte chez l'agent de la rouille du peuplier

Agathe Maupetit¹, Antoine Persoons², Vincent Segura³, Thomas Coudoux¹, Pascal Frey¹, Stéphane De Mita¹, Fabien Halkett¹

¹ UMR IAM, INRA, Université de Lorraine, 54000 Nancy, France

² John Innes Centre, Norwich Research Park, Norwich, NR4 7UH, UK

³ UR AGPF, INRA, UMR 588, 45160 Ardon, France

La France est le premier pays producteur de peupliers en Europe et le deuxième pays du monde en termes de surfaces plantées (236 000 ha). Le principal agent pathogène en populiculture est le champignon phytopathogène *Melampsora larici-populina*, responsable de la rouille du peuplier. Dans l'intérêt de la production de bois de peuplier pour les filières énergétiques et industrielles, des variétés résistantes à cette maladie ont été sélectionnées et déployées au champ. Pendant des décennies, la sélection portait sur des variétés portant des résistances qualitatives. Celles-ci procurent à la plante une résistance totale aux isolats du champignon porteurs de l'allèle d'avirulence correspondant. Suite au déploiement à grande échelle de ces cultivars, l'évolution de la virulence du champignon a systématiquement conduit au contournement des résistances. Plusieurs événements de contournement de résistance chez *M. larici-populina* ont été observés dont les contournements des résistances qualitatives R2 (portée principalement par le cultivar 'Luisa-Avanzo') en 1986, R7 (portée par 'Beaupré') en 1994 et R8 (portée par 'Hoogvorst') en 1997.

Nous nous intéressons en particulier au contournement de la résistance R7 ayant eu lieu en 1994 en Belgique et dans le nord de la France suite à des plantations massives du cultivar 'Beaupré' (R7). Des échantillonnages de *M. larici-populina* avant et après le contournement de la résistance R7 ont, entre autres, été effectués dans trois régions françaises. Des analyses de la structure des populations, de la séquence des génomes complets, ainsi que plusieurs caractères liés au pouvoir pathogène ont été réalisées sur quatre populations (une population échantillonnée avant contournement ; une échantillonnée au moment du contournement et quatre ans après ; enfin une population échantillonnée sur des peupliers sauvages ne portant pas de gène de résistance). L'impact du contournement de la résistance R7 sur ces populations a ainsi pu être décrit (Persoons *et al.* 2017). Une approche de scan génomique a permis d'identifier 20 régions du génome qui montrent des signatures potentielles de balayage sélectif. Par ailleurs, une étude d'association génétique pangénomique (genome-wide association study, GWAS) nous a permis d'identifier une région génomique fortement liée au phénotype virulent/avirulent 7, ce qui ouvre des perspectives pour l'identification du premier gène d'avirulence chez ce champignon.

Évolution des génomes et modes de reproduction de *Cryphonectria parasitica*, l'agent causal du chancre du châtaignier, en France dans le contexte d'une double introduction

Arthur Demené, Cyril Dutech, Cécile Robin

GEMFor, UMR 1202 BIOGECO Bordeaux

L'invasion d'environnements locaux par des espèces exotiques est un phénomène d'importance mondiale et pose la question des processus adaptatifs permettant la colonisation de nouveaux environnements; ces processus dépendant de l'écosystème concerné et de l'espèce introduite. Parmi eux, les modes de reproduction affectent fortement la dynamique démographique et évolutive des espèces invasives, notamment dans le cas des champignons phytopathogènes. Les questions portant sur l'évolution des populations et des espèces peuvent être désormais abordées avec une grande finesse grâce à la génomique des populations qui se basent sur l'étude du génome entier et permettent en outre d'ouvrir une fenêtre sur la compréhension de l'évolution du sexe et de l'isolement reproducteur chez les eucaryotes en général.

Aux États-Unis, l'introduction de *Cryphonectria parasitica* depuis l'Asie a entraîné la disparition du châtaignier américain (*Castanea dentata*) de la strate arborée des forêts nord-américaines. Cette épidémie dévastatrice a été causée par des populations se reproduisant majoritairement de manière sexuée. En revanche, les souches introduites en France depuis les États-Unis et l'Asie ont un impact moindre sur le châtaignier européen (*Castanea sativa*), en partie dû à la présence de l'hypovirus CHV-1 qui rend les souches de champignons hypovirulentes. Les populations françaises sont majoritairement structurées en lignées clonales caractérisées par des échanges de matériel génétique réduits ce qui mène à penser que la reproduction sexuée est peu active. Cette évolution rapide du mode de reproduction de *C. parasitica* lors d'introductions successives dans différents contextes environnementaux illustre la variabilité des stratégies de reproduction chez certaines espèces de champignons pour atteindre le même but : la colonisation d'un nouvel environnement.

Dans cet exposé, je présenterai les premiers résultats obtenus lors de ma thèse afin de faire un état des lieux de la structure des populations françaises, en la comparant aux populations américaines. Aussi, je présenterai une de mes principales hypothèses pour tenter d'expliquer les causes de ce changement de mode de reproduction principal : des réarrangements chromosomiques entre les lignées clonales constituent une barrière reproductrice menant à l'isolement reproducteur.

Dynamique de la fasciolose dans un milieu fortement anthropisé : La Camargue

Emeline Sabourin^{1,2}, Stephen Mulero¹, Marion Vittecoq^{1,2}, Sylvie Hurtrez-Boussès¹

¹IRD, 911 avenue Agropolis, 34394 Montpellier

²Tour du Valat, chemin Fielouse, Le Sambuc, Arles

L'émergence et la ré-émergence de maladies que nous connaissons depuis ces cents dernières années représentent une véritable crise sanitaire en grande partie due à des perturbations anthropiques. La fasciolose est une maladie particulièrement sensible aux changements liés à l'Homme. Cette zoonose causée par le parasite *Fasciola hepatica*, est communément reconnue comme un problème vétérinaire et de santé publique majeur. Nous avons étudié la dynamique des populations de *F. hepatica* et de son hôte intermédiaire *Galba truncatula*, un mollusque de la famille des Lymnaeidae, au sein d'une zone d'étude en Camargue (le domaine de la Tour du Valat) nous permettant d'avoir accès aux hôtes définitifs, sauvages (ragondins et sangliers), domestiques (taureaux) et aux hôtes intermédiaires. Nous avons pu établir que la prévalence de ce parasite est très élevée chez les taureaux de la manade étudiée, non traitée et nous avons observé des co-infections avec *Dicrocoelium dendriticum*. En parallèle, nous avons aussi suivi l'hôte intermédiaire, chez lequel la prévalence du parasite est faible. Il est présent sur une grande partie de la zone d'étude et tout au long de l'année. L'analyse génétique de *F. hepatica* à l'aide de marqueurs microsatellites nous a permis de répondre à plusieurs questions qui seront discutées : i) les mêmes souches de parasites circulent-elles entre hôtes définitifs, sauvages et domestiques ou existe-t-il une structuration ? ii) quel est le rôle de la faune sauvage dans le maintien du cycle ? iii) les traits d'histoire de vie (âge, sexe, généalogie) des animaux domestiques jouent-ils un rôle sur l'infection et sur la co-infection avec *D. dendriticum* ? Après avoir répondu à ces questions, nous proposerons des méthodes de prévention et préconiserons des stratégies de gestion des troupeaux visant à limiter l'impact sanitaire de la fasciolose.