



HAL
open science

Des réservoirs non agricoles contribuent à l'émergence et à l'évolution des agents pathogènes de plantes cultivées

Arnaud Ridel, Cindy E. Morris

► To cite this version:

Arnaud Ridel, Cindy E. Morris. Des réservoirs non agricoles contribuent à l'émergence et à l'évolution des agents pathogènes de plantes cultivées: INRA/Département Santé des plantes et environnement/Actualités (25/07/2013). 2013. hal-02805641

HAL Id: hal-02805641

<https://hal.inrae.fr/hal-02805641>

Submitted on 6 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.

Des réservoirs non agricoles contribuent à l'émergence et à l'évolution des agents pathogènes de plantes cultivées

Le concept « gène-pour-gène » de co-évolution des plantes et des agents phytopathogènes est depuis 60 ans prédominant pour analyser l'émergence des maladies de plantes. Ce concept décrit le processus de sélection naturelle qui entraîne des changements dans la structure des populations de l'agent pathogène conduisant parfois à son « émergence ». Cependant, un élément d'importance majeure dans ce concept d'émergence est l'origine de la diversité sur laquelle la sélection naturelle opère. Des mutations aléatoires, le transfert horizontal de gènes et la recombinaison façonnent les génomes des micro-organismes à des degrés divers. Cependant, l'importance relative de ces différents processus pour les agents phytopathogènes et le contexte environnemental dans lequel ils ont lieu demeurent généralement inconnus. Les chercheurs de l'INRA à Avignon, de Virginia Tech aux États-Unis et de l'Université d'Exeter au Royaume-Uni, établissent dans un article qui vient de paraître dans la revue *New Phytologist* (2), la première démonstration que les populations bactériennes des habitats non-agricoles jouent un rôle dans l'émergence des agents phytopathogènes.



[In English](#)

PUBLIÉ LE 25/07/2013

MIS À JOUR LE 10/10/2013

MOTS-CLÉS : [MALADIE](#) - [PSEUDOMONAS SYRINGAE](#) - [GÈNE](#) - [ÉPIDÉMIES](#) - [PHYTOPATHOGÈNE](#)

Des bactéries provoquant des maladies de la tomate présentes dans le manteau neigeux et les cours d'eau

Les chercheurs ont mis en évidence d'importants échanges génétiques entre des populations établies dans l'environnement et celles présentant des agents phytopathogènes. Ils ont montré que les deux groupes partageaient un large éventail d'allèles (variants d'un gène particulier) impliqués dans le pouvoir pathogène des souches ayant causé des épidémies. Ce phénomène concerne, notamment une famille de gènes nommés effecteurs qui permettent aux bactéries de désarmer les mécanismes de défense de la plante.

Dans l'exemple traité par l'article publié dans la revue *New Phytologist*, des souches apparentées aux souches isolées des épidémies de la moucheture bactérienne de la tomate (provoquée par *Pseudomonas syringae* pv. *tomato* (*Pto*)) ont été trouvées dans le manteau neigeux et des ruisseaux de régions subalpines des Alpes du Sud françaises et de régions sauvages du sud de la Nouvelle-Zélande. La caractérisation du pouvoir pathogène des souches génétiquement proches voir identiques de *Pto*, provenant de ces habitats non-agricoles, confirme ainsi que les populations présentes dans l'environnement pouvaient non seulement être pathogènes pour la tomate, mais aussi qu'elles avaient des gammes d'hôtes plus larges que les souches isolées des épidémies. Bien que les populations provenant d'habitats non-agricoles aient des répertoires d'effecteurs semblables voire identiques aux souches des épidémies, elles présentent une plus grande diversité de variants de ces gènes.

L'air, l'eau et les plantes pour favoriser la propagation de la maladie

Les chercheurs proposent qu'une série d'événements évolutifs puissent contribuer à l'émergence des souches pathogènes. Ces événements sont pour la plupart le fait du seul hasard (la dissémination en particulier) et ils conduisent parfois à la rencontre d'une souche « environnementale » avec les plantes cultivées et, selon son succès, à une éventuelle émergence dans une épidémie. La dissémination de *P. syringae* entre habitats est facilitée par les mouvements de l'air, du matériel végétal et de l'eau (réseau hydrologique et précipitations). Les mouvements des agents phytopathogènes créent donc très probablement des rencontres régulières avec les cultures où une partie des populations ayant un avantage sélectif colonisent les plantes. C'est la manifestation d'une multiplication bactérienne importante qui induit les symptômes visibles de la maladie. Les pratiques agricoles peuvent ensuite favoriser la propagation de proche en proche de la nouvelle population émergente.

Les auteurs de l'éditorial publié dans le même numéro de *New Phytologist* (1) proposent que les phénomènes décrits dans cet article (les habitats comme réservoirs et bastions de la diversification) ne soient pas restreints au cas de *P. syringae*. Ils suggèrent ainsi d'élargir de manière plus systématique notre connaissance des traits d'histoire de vie et l'écologie des agents phytopathogènes au-delà des contextes agricoles afin de mieux comprendre leur émergence épidémiologique.

Une collection de bactéries pour comprendre des épidémies

Les souches de *P. syringae* utilisées dans cette étude proviennent de la collection de l'unité de recherche Pathologie Végétale de l'INRA à Avignon. Au cours de la dernière décennie, cette collection a été mise en place afin de pouvoir comparer des populations provenant de différentes origines tant issues des plantes cultivées que d'habitats naturels. L'étude de ces différentes origines a permis de découvrir que les habitats aquatiques et l'ensemble du cycle de l'eau jouent un rôle prépondérant dans l'évolution et l'écologie de cette bactérie (3, 4, 5). C'est la ressemblance entre des souches pourtant d'origines très différentes au sein de cette collection qui a mis la puce à l'oreille des chercheurs. Actuellement la collection est utilisée pour évaluer le potentiel d'émergence de nouveaux variants d'une maladie touchant le kiwi. Elle pourra servir, selon la même logique, à comprendre l'émergence d'autres maladies importantes provoquées par *P. syringae* chez des espèces de *Prunus* ainsi que le melon.

Cindy E. MORRIS
UR407 PV Pathologie Végétale, Centre INRA PACA
cindy.morris@avignon.inra.fr

BIBLIOGRAPHIE

1. Goss E.M., Potnis N., Jones J.B. 2013. Grudgingly sharing their secrets: New insight into the evolution of plant pathogenic bacteria (Commentary). *New Phytologist* 199:630-632.
2. Monteil C.L., Cai R., Lui H., Mechan Llontop M.E., Leman S., Studholme D.J., Morris C.E., Vinatzer B.A. 2013. Non-agricultural reservoirs contribute to emergence and evolution of *Pseudomonas syringae* crop pathogens. *New Phytologist*, 199:800-811.
3. Monteil C.L., Guilbaud C., Glaux C., Lafolie F., Soubeyrand S., Morris C.E. 2012. Emigration of the plant pathogen *Pseudomonas syringae* from leaf litter contributes to its population dynamics in alpine snowpack *Environmental Microbiology* 14:2099-2112.
4. Morris C.E., Sands D.C., Vanneste J.L., Montarry J., Oakley B., Guilbaud C., Guilbaud C. 2010. Inferring the evolutionary history of the plant pathogen *Pseudomonas syringae* from its biogeography in headwaters of rivers in North America, Europe and New Zealand. *mBio* 1(3): e00107-10-e00107-20. doi:10.1128/mBio.00107-10.
5. Morris C.E., Sands D.C., Vinatzer B.A., Glaux C., Guilbaud C., Buffière A., Yan S., Dominguez H., Thompson B. 2008 The life history of the plant pathogen *Pseudomonas syringae* is linked to the water cycle. *The ISME Journal*, 2:321-334.