



HAL
open science

Étude du développement saprophyte de *Fusarium graminearum*, champignon pathogène du blé et producteur de mycotoxines

Johann Leplat, Pierre P. Mangin, Laurent Falchetto, Elodie Gautheron, J. Fasquel, Christian Steinberg

► To cite this version:

Johann Leplat, Pierre P. Mangin, Laurent Falchetto, Elodie Gautheron, J. Fasquel, et al.. Étude du développement saprophyte de *Fusarium graminearum*, champignon pathogène du blé et producteur de mycotoxines. 8. Rencontres de Phytopathologie - Mycologie de la Société Française de Phytopathologie - Journées Jean Chevaugéon, Jan 2010, Aussois, France. 1 p. hal-02823565

HAL Id: hal-02823565

<https://hal.inrae.fr/hal-02823565v1>

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.

Etude des conditions d'émergence de *Phytophthora alni*

J. Aguayo, C. Husson, J. Janoušek, P. Frey, B. Marçais

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

L'introduction et la dispersion de nouvelles maladies sont devenues l'une des principales menaces pour la conservation des écosystèmes forestiers. La cause de ces émergences est une question scientifique actuelle majeure. Cependant, certaines pistes semblent importantes pour expliquer leur apparition : l'introduction par l'homme d'organismes dans des zones où ils étaient auparavant inexistantes, les changements de conditions climatiques et de vecteurs des maladies et la recombinaison génétique (Anderson *et al.*, 2004). L'une des maladies émergentes les plus importantes en France ces dernières années parmi les arbres forestiers est celle du dépérissement de l'*Alnus glutinosa* dû à *Phytophthora alni* le long des cours d'eau. Cette maladie létale apparue au début des années 1990 a acquis rapidement une importance dramatique, menaçant les écosystèmes ripicoles avec une prévalence globale atteignant 17 % sur le bassin Rhin-Meuse (Thoirain *et al.*, 2007). L'apparition de *P. alni* est liée à un événement d'hybridation interspécifique récent (Ioos *et al.*, 2006). Le lieu d'origine et le niveau de récurrence des événements d'hybridation restent néanmoins mal connus. L'émergence de la maladie pourrait être aussi liée aux changements globaux. Thoirain *et al.* (2007) ont montré que la température de la rivière est un des principaux facteurs de risque, les cours d'eau les plus tempérés présentant une prévalence de maladie plus élevée. Or, le réchauffement climatique a aussi affecté l'eau des rivières. L'objectif principal de cette étude est de comprendre les rôles respectifs dans l'émergence de la maladie de l'augmentation de la température des rivières et de l'évolution des populations de l'agent pathogène en France. Pour y répondre nous envisageons d'étudier en détail l'impact de la température des cours d'eau sur l'incidence de la maladie, via un dispositif installé sur un gradient altitudinal à l'échelle de la région Lorraine. D'autre part, une étude de la structure des populations de l'agent pathogène à l'aide de marqueurs microsatellites sera menée. Son but sera de déterminer si l'agent pathogène est d'origine exotique (introduction des taxons parentaux) ou d'origine indigène (évolution sur place) et à quelle échelle se structure les populations. Les résultats préliminaires indiquent qu'il n'existe pas d'effet de la température de l'eau de rivière sur l'incidence de la maladie. Dans ces conditions, il semble donc que l'émergence de la maladie ne soit pas due au réchauffement climatique. Pour étudier la structure des populations de l'agent pathogène des prospections et des collectes d'échantillons le long des rivières françaises sont en cours. Une collection d'isolats européens sera aussi constituée. Par ailleurs, des marqueurs microsatellites pour *P. alni* sont en cours de développement à l'aide d'une stratégie de pyroséquençage à haut débit.

(1) Anderson P.K., Cunningham A.A., Patel N.G., Morales F.J., Epstein P.R., Daszak P. 2004. Emerging infectious diseases of plants: pathogen pollution, climate change and agrotechnology drivers. *Trends in Ecology and Evolution* 19, 535-544.

(2) Thoirain, B., Husson, C., Marçais, B. (2007). Epidemiology of the *Phytophthora*-induced decline of alder in northeastern France. *Phytopathology*, 97: 99-105

(3) Ioos R, Andrieux A, Marçais B and Frey P, 2006. Genetic characterization of the natural hybrid species *Phytophthora alni* as inferred from nuclear and mitochondrial DNA analyses. *Fungal Genetics and Biology* 43: 511-529.

Mots-clés : Maladies émergentes, *Phytophthora alni*, *Alnus glutinosa*, changement climatique, hybridation interspécifique, épidémiologie, génétique de populations.

Changement climatique : étude de la diversité des communautés de champignons mycorhiziens et de pathogènes associés au hêtre suivant des gradients altitudinaux et latitudinaux.

A. Coince, B. Marçais, M. Buée

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

Le réchauffement climatique peut affecter les forêts en augmentant les risques de dépérissement des arbres mais aussi en impactant les microorganismes qui leurs sont associés. Dans le cadre du projet UE « BACCARA » (Biodiversity And Climate Change : A Risk Analysis), et en collaboration avec l'UMR BioGeCo, notre objectif est d'évaluer l'impact de la température sur la diversité des communautés fongiques forestières. Plus particulièrement, une thèse de doctorat (2009-2012) se focalisera sur l'étude des communautés d'oomycètes (*Phytophthora* spp.) et de champignons ectomycorhiziens (ECM) associées au hêtre, espèce largement distribuée mais sensible à la sécheresse. Trois gradients altitudinaux et un gradient latitudinal seront utilisés comme analogues spatiaux du changement climatique. Dans un premier temps, un plan d'échantillonnage a été mis au point pour déterminer les conditions expérimentales (nombre d'arbres, nombre d'échantillons ...) optimales à une description exhaustive des communautés (ECM et Oomycètes) en exploitant le séquençage de nouvelle génération. En effet, la technique de pyroséquençage sera mise en œuvre avec des amorces PCR choisies pour leur large spectre taxonomique. Une première analyse concernera la distribution des communautés ectomycorhiziennes le long des trois gradients altitudinaux (Pyrénées, Alpes et Vosges). Dans une seconde étude, les espèces ECM et les oomycètes seront décrites suivant un gradient latitudinal basé sur le réseau européen de niveau 1 (16 km x 16 km) et comprenant des échantillons de sites français, italiens, écossais et suédois. L'ensemble de ces données biogéographiques devrait nous permettre de décrire la structuration de certaines communautés fongiques par des facteurs environnementaux. Ainsi, les relations liant température (sur gradients) et diversité microbienne (décrite par les approches de pyroséquençage) devraient permettre d'établir un modèle prédictif de l'évolution de ces communautés en réponse aux contraintes climatiques.

Mots-clés : diversité, communautés fongiques, gradients, température

Association de méthodes de lutte à efficacité partielle pour contrôler la tavelure du pommier

F. Didelot (1), V. Caffier (1), G. Orain (2), A. Lemarquand (2), L. Parisi (3).

(1) INRA Centre d'Angers, UMR PaVé, 42, rue Georges Morel, BP60057, 49071 BEAUCOUZE cedex, France

(2) INRA Centre d'Angers, UE Bois l'Abbé-La Rétuzière, 42, rue Georges Morel, BP60057, 49071 BEAUCOUZE cedex, France

(3): INRA-UERI - Domaine de Gotheron - 26320 SAINT-MARCEL-LES-VALENCE, France.

Le contrôle de la tavelure du pommier, du fait notamment de la sensibilité des variétés les plus commercialisées, repose actuellement sur le recours à des pulvérisations répétées de produits chimiques. Les conséquences négatives en sont nombreuses, comme la réduction de la faune auxiliaire ou la pollution des eaux. De plus, des résistances contre plusieurs matières actives sont apparues dans la population de *Venturia inaequalis*, agent de la tavelure du pommier. Il est donc essentiel d'améliorer le contrôle de cette maladie tout en diminuant la quantité d'intrants. Pour atteindre ce but, l'utilisation de cultivars à résistance partielle peut être une alternative efficace. Cependant pour limiter les risques d'échec de contrôle de la maladie pour les arboriculteurs, les cultivars doivent présenter une résistance suffisamment élevée et celle-ci doit être renforcée par d'autres méthodes de lutte. Les protocoles pour mettre en place une telle stratégie doivent être simples et fiables. Les seuils pour les applications fongicides doivent être validés en fonction du niveau de résistance et des mesures prophylactiques mises en place. Pour répondre à ces questions, nous étudions l'association du cultivar Reine des Reinettes (avec un niveau de résistance assez élevé), d'une pratique de prophylaxie consistant en une élimination de la litière au sol et d'une lutte chimique allégée où seuls les plus forts risques de contamination font l'objet d'une protection fongicide du verger. Nous présenterons les résultats obtenus de 2006 à 2009, montrant une stabilité de l'efficacité du contrôle de la maladie (moins de 2% de fruits tavelés à la récolte) malgré des conditions climatiques globalement très favorables à la tavelure. Le nombre de traitements est réduit d'environ de moitié (en moyenne sur les 4 années) en comparaison avec un verger de variétés sensibles conduit en protection fruitière intégrée dans les mêmes conditions climatiques.

Mots-clés : résistance partielle, tavelure du pommier, méthodes de lutte, prophylaxie

Distribution temporelle au sein d'un complexe d'espèces : l'Oïdium des chênes

N. Feau, A. Lauron-Moreau, C. Dutech, M.-L. Desprez-Loustau

Equipe de Pathologie Forestière, INRA, BioGeCo, UMR1202, 69 route d'Arcachon F-33612 Cestas Cedex

L'oïdium des chênes constitue la maladie fongique la plus dommageable des chênes blancs en Europe (principalement, *Quercus petraea* et *Q. robur*). De récents travaux moléculaires ont suggérés l'existence d'un complexe d'« espèces cryptiques » pour cette maladie avec deux lignées évolutives majeures, *Erysiphe alphitoides* et *E. quercicola* qui coexistent sous ce même symptôme d'oïdium. Le maintien d'un tel complexe sur un même patho-système a des implications importantes à la fois sur le plan de l'écologie et de l'épidémiologie de la maladie. Pour déterminer si une différenciation d'ordre temporel peut expliquer la coexistence de ces lignées, un échantillonnage a été réalisé par le Département Santé des Forêts sur 36 parcelles forestières en début de saison épidémiologique (mai 2008 et 2009 ; 151 infections) et en milieu et fin de saison (août-septembre 2008 et 2009 ; 341 infections). Les identifications des espèces du complexe ont été réalisées au moyen de la technique de PCR-RFLP basée sur de polymorphismes retrouvés dans les régions ITS de l'ADN nucléaire ribosomal. Dans près de 85% des parcelles étudiées, la fréquence de l'espèce *E. alphitoides* augmente au cours de la saison épidémique au détriment de celle d'*E. quercicola*. Cette succession pourrait être en partie liée à des différences de stratégies écologiques lors de l'hivernation et de l'initiation de la saison épidémique de la maladie au début du printemps. En effet, le démarrage de l'épidémie s'effectue chez l'oïdium des chênes à partir de deux formes bien distinctes: Des foyers dispersés liés probablement à la germination d'une ou quelques spores issues de structures de conservation hivernale de type sexué appelées chaesmothèces et/ou des jeunes pousses de croissance primaire totalement oïdiées observables qu'en début de saison végétative dénommées « pousses drapeaux ». Nous avons pu clairement démontrer que seule l'espèce *E. quercicola* est associée à ces pousses drapeaux. Des hypothèses additionnelles qui concernent l'autécologie des deux espèces et leurs aptitudes compétitives vont être testées pour tenter d'expliquer cette diminution d'*E. quercicola* au bénéfice d'*E. alphitoides* au cours de la saison épidémique.

Mots-clés : espèces cryptiques, complexe d'espèces, *Erysiphe*, *Quercus*, oïdium

Progression de l'épidémie de septoriose du blé au sein d'une association variétale

C. Gigot (1,2,3), S. Saint-Jean (2,1), L. Huber (1,2), M. Leconte (3,4), L. Gérard (3,4), C. de Vallavieille-Pope (3,4)

(1) INRA, UMR Environnement et Grandes Cultures, 78850 Thiverval-Grignon, France

(2) AgroParisTech, UMR Environnement et Grandes Cultures, 78850 Thiverval-Grignon, France

(3) INRA, UMR BIOlogie et GEstion des Risques, 78850 Thiverval-Grignon, France

(4) AgroParisTech, UMR BIOlogie et GEstion des Risques, 78850 Thiverval-Grignon, France

Compte tenu de la tendance actuelle à la réduction des intrants dans l'agriculture française, le recours aux associations culturales — aussi bien inter-variétales qu'inter-spécifiques — figure parmi les initiatives envisageables. Il est rapporté que, outre la stabilisation du rendement, les associations culturales fournissent une plus forte résistance aux bioagresseurs. Cependant certaines situations sont encore peu documentées à ce propos, et notamment dans le cas d'agents pathogènes à dispersion pluviale tels que *Mycosphaerella graminicola* (Fuckel) Schröter, responsable de la septoriose du blé. La mise en place de plusieurs essais en plein champ, avec un suivi hebdomadaire des surfaces foliaires sénescentes naturelles et induites, a permis d'appréhender les phénomènes régissant la progression de cette maladie. Les différentes modalités considérées allaient de la culture mono-variétale de blé sensible — traitée ou non avec des fongicides — à l'association binaire de variétés de blé plus ou moins résistantes. Dans nos conditions expérimentales, l'association variétale présentait une évolution de la maladie proche de celle observée pour la culture de blé traitée. Ceci s'expliquerait, du moins partiellement, par une limitation du flux global de spores de *M. graminicola* au sein du couvert végétal. Durant la phase de post-floraison et par rapport à la culture mono-variétale de blé non traitée, la décroissance de la surface foliaire verte des trois dernières feuilles pour l'association variétale avait plus d'une semaine de retard. La surface photosynthétiquement active est donc restée plus importante plus longtemps durant une période clé de la composition du rendement, correspondant au remplissage des grains. Les résultats obtenus au cours de cette étude préliminaire nous encouragent à poursuivre les investigations afin d'optimiser les associations culturales dans le cadre du contrôle de la septoriose du blé.

(1) Finckh, M., Gacek, E., Goyeau, H., Lannou, C., Merz, U., Mundt, C., Munk, L., Nadziak, J., Newton, A., de Vallavieille-Pope, C. et Wolfe, M. (2000). Cereal variety and species mixtures in practice, with emphasis on disease resistance. *Agronomie*, 20(7):813-837.

(2) Huber, L., Madden, L. et Fitt, B. (2006). Environmental biophysics applied to the dispersal of fungal spores by rain-splash. In: Cooke, B., Jones, D. et Kaye, B., éditeurs : *The epidemiology of plant diseases*. Springer. Madden, L. (1992). Rainfall and the dispersal of fungal spores. *Advanced Plant Pathology*, 8:39-79.

(3) Mille, B., Belhaj Fraj, M., Monod, H. et de Vallavieille-Pope, C. (2006). Assessing four-way mixtures of winter wheat cultivars from the performances of their two-way and individual components. *European Journal of Plant Pathology*, 114(2):163-173.

(4) Robert, C., Bancal, M., Nicolas, P., Lannou, C. et Ney, B. (2004). Analysis and modelling of effects of leaf rust and *Septoria tritici* blotch on wheat growth. *Journal of Experimental Botany*, 55(399):1079-1094.

(5) Saint-Jean, S., Kerhornou, B., Derbali, F., Leconte, M., de Vallavieille-Pope, C. et Huber, L. (2008). Role of rain-splash in the progress of *Septoria* leaf blotch within a winter wheat variety mixture. *Aspects of Applied Biology*, 89:49-54.

Mots-clés : association variétale, dispersion par éclaboussement, *Mycosphaerella graminicola*, septoriose du blé

Étude du développement saprophyte de *Fusarium graminearum*, champignon pathogène du blé et producteur de mycotoxines

J. Leplat (1), P. Mangin (2), L. Falchetto (2), E. Gautheron (1), J.P. Fasquel (3), C. Steinberg (1)

(1) INRA, Université de Bourgogne, UMR 1229 Microbiologie du Sol et de l'Environnement, 17 rue Sully BP 86510.F. 21065 Dijon Cedex, France. johann.leplat@dijon.inra.fr

(2) Domaine expérimental d'Époisses, Centre INRA, Dijon, 21120 Bretenières.

(3) Coordinateur Farine+ (Vitagora), Gustalis Sarl, 3 bd Beauregard, 21600 Longvic

Troisième plante cultivée au monde derrière le maïs et le riz, première en ce qui concerne les échanges commerciaux, le blé est l'un des aliments prépondérants en production animale et les produits issus de sa transformation sont à la base de l'alimentation humaine. La fusariose est l'une des principales pathologies fongiques touchant les cultures de blé : elle provoque notamment un dessèchement des épis touchés. Un « pool » de champignons appartenant aux genres *Fusarium* et *Microdochium* est responsable de cette maladie. Celle-ci est connue depuis longtemps puisque *F. graminearum*, l'agent principal de la pathologie, a été décrit en 1839 (Schwabe, Flora Anhaltina 2). Outre les pertes de rendement occasionnées, les champignons qui en sont responsables sont producteurs de mycotoxines potentiellement toxiques pour l'homme et les animaux. La réglementation CE N° 1881/2006, entrée en vigueur en 2007, fixe les doses admissibles de ces mycotoxines dans les denrées alimentaires. Dans le cadre d'un Réseau d'animation scientifique sur la contamination des céréales par les mycotoxines de *Fusarium* spp. et dans le cadre du programme Farine+ soutenu par le pôle de compétitivité Vitagora de la région Bourgogne, programme visant à promouvoir et garantir la qualité alimentaire de la farine de blé, nous cherchons à caractériser les facteurs essentiels au développement saprophyte de *F. graminearum* afin de prévenir la contamination du blé. La part relative de l'inoculum aérien, de l'inoculum d'origine tellurique et de l'inoculum présent dans les semences est déterminée par une double approche conduite au champ et en laboratoire. Un accent particulier est mis sur le rôle des résidus du précédent cultural et sur leur gestion en vue d'assurer le contrôle du développement de l'inoculum primaire. Parallèlement, la caractérisation des symptômes précoces permet la mise au point d'un bioessai afin d'associer l'activité infectieuse du champignon aux conditions relatives à son développement. Un essai au champ mimant l'action des différents types d'inoculum de champignon a été mis en place à l'automne 2008. Des contrôles du taux de maladie depuis la semence jusqu'à la récolte du blé sont effectués régulièrement et les souches isolées sont identifiées par des méthodes de microbiologie classique et moléculaires. Une base de données associant types de symptômes, conditions d'occurrence et microorganismes est ainsi constituée. Le développement saprophyte de populations de *F. graminearum* d'agressivités différentes est suivi en microcosmes de sol en fonction de facteurs tels que la texture et la structure du sol, l'humidité, la nature des résidus de culture, la présence de mycotoxines. Un milieu d'isolement a été choisi, la technique de PCR quantitative est adaptée. L'analyse de la structure des communautés microbiennes du sol permettra de comprendre le rôle des interactions directes (antagonistes) ou indirectes sur le développement du pathogène pour éventuellement identifier des agents de lutte. Les observations au champ révèlent la responsabilité de l'inoculum contenu dans le sol, et plus particulièrement dans les semences, dans le développement précoce de la maladie. En revanche, c'est l'inoculum à la surface du sol qui est le plus délétère en ce qui concerne le rendement final.

Mots-clés : *F. graminearum* ; fusariose ; blé ; saprophyte ; mycotoxines

Gestion agronomique de la résistance du riz à la pyriculariose : le projet GARP.

J.-L. Nottéghem (1), E. Ballini (1), S. Bouzinac (2), F. Breseghello (3), T. Cobucci (3), A. Chabanne (2), J. Dusserre (4), R. Michellon (2), J.-B. Morel (5), L. M. Raboin (4), A. Ramanantsoanirina (6), L. Séguy (2), M. Sester (4), J. Taillebois (7), D. Tharreau (8), M. Valès (8)

(1) Montpellier SupAgro, UMR BGPI, TA 54K, 34398 Montpellier, France;

(2) CIRAD, UPR Couverts Permanents, 75375, Santo Antônio de Goias, Brésil;

(3) CNPAF-EMBRAPA, 75375 Santo Antônio de Goias, Brésil;

(4) CIRAD, UPR Systèmes de culture annuels, PCP SCRID 110 Antsirabe, Madagascar.

(5) INRA, UMR BGPI, TA 54K, 34398 Montpellier, France;

(6) FOFIFA, PCP SCRID, 110 Antsirabe, Madagascar;

(7) CIRAD, UPR AIVA, 75375, Santo Antônio de Goias, Brésil;

(8) CIRAD, UMR BGPI, TA 54K, 34398 Montpellier, France.

Les conséquences des pratiques agricoles, et notamment de la fertilisation azotée, influent-elles sur l'expression de la résistance des plantes ? C'est à cette question que le projet GARP tentera de répondre. Les expérimentateurs ont observé que les pratiques agronomiques sont des facteurs importants de modulation du niveau des épidémies de pyriculariose du riz causée par *Magnaporthe oryzae*. Il est notamment connu que la fertilisation azotée favorise les épidémies, alors que des systèmes « agroécologiques » qui incluent le semis direct sur couverture végétale, permettent d'atteindre des rendements élevés en limitant le niveau des épidémies. L'hypothèse qui est privilégiée est que le contrôle des épidémies résulterait de différences de la dynamique du métabolisme de l'azote. Les systèmes agroécologiques réguleraient les apports d'azote et permettraient une expression satisfaisante de la résistance partielle, alors que dans des systèmes conventionnels les apports d'azote massifs induiraient une répression des voies métaboliques impliquées dans la résistance. Des expérimentations préliminaires menées en serre avec des apports azotés différents indiquent que la voie du métabolisme de l'azote serait antagoniste de celle des mécanismes de défense. Mesurer les épidémies dans des systèmes de culture différents, évaluer l'impact de ces épidémies sur les rendements, sont une composante du projet GARP. L'analyse de la dynamique du métabolisme de l'azote sera menée par des dosages chimiques de différentes formes d'azote aux stades phénologiques clés du développement du riz. Au laboratoire, dans des conditions de fertilisation azotée différentielles, on reprendra les études de l'expression de gènes indicateurs clés des voies métaboliques des mécanismes de défense et du métabolisme de l'azote. Ces études d'expression de gènes régulateurs de ces voies métaboliques seront également conduites sur des échantillons prélevés en plein champ. Les bases génétiques de la sensibilisation par l'azote seront également déterminées par des approches de cartographie QTL et de génétique inverse). Le projet GARP permettra d'approfondir les connaissances sur les interactions entre mécanismes de résistance/sensibilité à la pyriculariose et métabolisme de l'azote, et d'en tirer les conséquences pour élaborer des méthodes agronomiques de gestion de l'expression de la résistance partielle.

Ce projet est financé par le programme SYSTERRA de l'ANR.

Mots-clés : pyriculariose du riz, *Magnaporthe oryzae*, fertilisation azotée, résistance partielle

Impact de la sylviculture sur les communautés fongiques ectomycorhiziennes associées au chêne vert (*Quercus ilex* L.)

F. Richard (1), A. Geoffroy (1), C. Damon (2), M.-A. Selosse (1), M. Gardes (3).

(1) UMR 5175, Univ. Montpellier II, Route de Mende, 34000 Montpellier

(2) UMR 2227, Univ. Lyon I, 43 Boulevard du 11 Novembre 1918 69622 Villeurbanne

(3) UMR 5174, Univ. Toulouse III, 118 Route de Narbonne, 31062 Toulouse

Dans les écosystèmes forestiers, les arbres vivent en symbiose avec des champignons du sol en formant des organes mixtes, les ectomycorhizes. Le chêne vert possède de riches cortèges symbiotiques, dont le nombre d'espèces augmente avec l'âge du peuplement. Dans une expérience conduite sur le site expérimental de Puechabon (Hérault), nous avons testé l'impact de la coupe rase sur ces communautés. En 2000, les communautés fongiques ont été décrites à l'aide d'outils de biologie moléculaires (séquençage de l'ITS) dans un taillis âgé de 71 ans. A l'issue de l'échantillonnage, une coupe rase a été pratiquée dans une sous-parcelle, suivie de nouveaux échantillonnages, en 2001 et 2006. Les résultats montrent que ces taillis recèlent des communautés fongiques (i) particulièrement riches, (ii) faiblement affectées une année après la coupe, mais (iii) profondément modifiées six années après l'intervention. Ces résultats, et leurs implications sur la gestion forestière, sont discutés.

Mots-clés : Communautés ectomycorhiziennes, *Quercus ilex*, ITS-RFLP, séquençage, coupe rase, forêts méditerranéennes

Association des populations de *Gaeumannomyces graminis* var. *tritici* et des communautés de rhizobactéries lors des étapes du déclin du piétin-échaudage en monoculture de blé

A. Sarniguet (1), H. Sanguin (2), L. Lebreton (1), **K. Gazengel** (1), A.-Y. Guillerm-Erckelboudt (1), G. L. Grundmann (2), Y. Moëgne-Loccoz (2)

(1) INRA, Agrocampus Ouest, Université Rennes 1, UMR 1099 BiO3P 'Biologie des Organismes et des Populations appliquée à la Protection des Plantes', F-35653 Le Rheu, France

(2) UMR 5557 Ecologie Microbienne, Université Lyon 1, F-69003 Villeurbanne, France

Le déclin du piétin-échaudage est un phénomène naturel d'acquisition de résistance du sol à la maladie des racines causée par le champignon pathogène *Gaeumannomyces graminis* var. *tritici* (*Ggt*) en monoculture de blé. La dynamique épidémiologique s'expliquerait par la structuration génétique des populations de *Ggt* et l'installation d'une communauté bactérienne à fort potentiel antagoniste au cours des étapes du déclin. A l'échelle parcellaire, une analyse AFLP et RAPD décrit la structuration des populations de *Ggt* en deux groupes de génotypes G1 et G2 (Lebreton *et al.*, 2004). La fréquence de G1 est élevée dans les parcelles en premier blé où la sévérité de maladie est faible et le sol réceptif à la maladie. La fréquence de G2 augmente au pic de sévérité maladie après 5 ans de monoculture de blé et diminue ensuite après 10 ans quand la maladie est faible et le sol devenu résistant (en déclin avéré). Les génotypes G2 sont en moyenne plus agressifs que les génotypes G1 et il existe une relation linéaire entre la fréquence de ces 2 groupes et la sévérité de maladie (Lebreton *et al.*, 2007). En parallèle, la structure génétique des communautés bactériennes dans les sols rhizosphériques prélevés dans les mêmes étapes de monocultures de 1, 5 et 10 ans a été analysée grâce à des puces taxonomiques basées sur la variabilité génétique du gène 16S rRNA. Les résultats puce à ADN montrent la prévalence de deux populations différentes de *Pseudomonas* spp., associées aux étapes 1 an et 10 ans de monocultures (Sanguin *et al.* 2008). Une autre puce dédiée à une communauté bactérienne élargie à plusieurs genres et espèces affirme la prévalence des *Pseudomonas*, *Nitrosospira*, Rhizobacteriaceae, Sphingomonadaceae, Phyllobacteriaceae, ainsi que des Bacteroidetes et Verrucomicrobia lors du pic de maladie (5 ans). Le sol en déclin (10 ans) est caractérisé par un ensemble étendu de taxons comprenant Acidobacteria, Planctomycetes, Nitrospira, Chloroflexi, Alphaproteobacteria and Firmicutes (Sanguin *et al.* 2009). Ainsi, une dynamique d'association existe entre populations fongiques pathogènes et communautés bactériennes de la rhizosphère au cours du déclin. Des bioindicateurs bactériens potentiels de l'état de résistance du sol à cette maladie sont identifiés.

(1) Lebreton L. *et al.* 2004 Environ. Microbiol. 6(11):1174-85

(2) Lebreton L. *et al.* 2007 Environ. Microbiol. 9(2) : 492-499

(3) Sanguin H. *et al.* 2008 Soil Biol. Biochem. 40: 1028-1039

(4) Sanguin H. *et al.* 2009 New Phytol. (In press)

Mots-clés : champignon, sol, communautés bactériennes, diversité, puce taxonomique, sélection

Des partenaires mycorrhiziens inattendus permettent l'évolution de l'hétérotrophie chez les Orchidées

M.-A. Selosse, M. Roy, F. Martos, L. Vincenot, M.-P. Dubois

Centre d'Ecologie Fonctionnelle et Evolutive, CNRS, UMR 5175, Equipe Interactions Biotiques, 1919 Route de Mende, 34 293 Montpellier cedex 5, France

In the typical mycorrhizal symbiosis, which links soil fungi with the roots of ~90% of plant species, fungi exploit soil mineral nutrients in return for plant produced carbon. In contrast, mycoheterotrophy, in which plants instead receive carbon from their associated fungi, has been found in several forest-understorey achlorophyllous plants from various families, including orchids. In temperate ecosystems, orchids have highly specific association to narrow fungal taxa that, in turn, form mycorrhizae with surrounding green plants. Isotopic methods support that the surrounding plants are the ultimate carbon source for the orchid-fungi symbiosis. When we investigated tropical mycoheterotrophic orchids, we found a more flexible picture: some orchids were not specific, such as *Aphyllorchis* spp. from Thailand; some associated with usually saprobic fungi (*Mycena*, *Gymnopus*, *Resinicium*), such as *Wullschlaegelia* and *Gastrodia* spp. from Carribean and Mascarene Islands, with evidence that decaying plant material is their ultimate carbon source. Based on this, we revisited the current understanding of evolution of mycoheterotrophic clades and their adaptation to tropical versus temperate conditions. Moreover, green forest-understorey plants, phylogenetically close to mycoheterotrophs, were recently shown to be mixotrophic, i.e. they receive carbon from both their fungi and photosynthesis. Phylogenetic analyses suggest that in orchids and pyroloids (*Ericaceae*), mixotrophy preceded the evolution of mycoheterotrophy. In some mixotrophic *Cephalanthera* and *Epipactis* spp., achlorophyllous plants (AP) can even be found rarely in natural populations. To understand AP rarity, we investigated in situ AP morphology, physiology (gas exchanges) and fitness over several years, in several European populations. We showed that impaired carbon budget and bad regulation of water exchanges due to vestigial leaves and stomata, made AP unfit. Thus, we propose, a contrario, that co-evolution of several traits is required for successful transition to mycoheterotrophy, explaining why this transition remains rare in mixotrophic lineages.

(1) T. JULOU *et al.*, 2005. Mixotrophy in orchids: insights from a comparative study of green individuals and non-photosynthetic mutants of *Cephalanthera damasonium*. *New Phytologist* 166: 639-653.

(2) L. TEDERSOO *et al.*, 2007. Parallel evolutionary paths to mycoheterotrophy in understory Ericaceae and Orchidaceae: ecological evidence for mixotrophy in Pyroleae. *Oecologia* 151: 206 -217.

(3) L. VINCENOT *et al.*, 2008. Fungal associates of *Pyrola rotundifolia*, a mixotrophic Ericaceae, from two boreal forests. *Mycorrhiza*, 19:15 -25.

(4) M.-A. SELOSSE & M. ROY, 2009. Green plants eating fungi: facts and questions about mixotrophy. *Trends in Plant Sciences* 14: 64-70.

(5) M. ROY *et al.*, 2009. Mycoheterotrophic orchids from Thailand tropical dipterocarpacean forests associate with a broad diversity of ectomycorrhizal fungi. *BMC Biology* 7: 51.

(6) F. MARTOS *et al.*, 2009. Independent recruitment of saprotrophic fungi as mycorrhizal partners by tropical achlorophyllous orchids. *New Phytologist*, sous presse.

(7) M.-A. SELOSSE *et al.*, 2010. New fungal symbionts for achlorophyllous orchids. *Plant Signaling and Behaviour*, sous presse.

Keywords: Mycorrhiza, saprotrophic fungi, heterotrophic plants, mixotrophy, carbon transfer

Plasticité fonctionnelle et structurale des champignons ectomycorhiziens

M.-A. Selosse (1), M. Roy (1), S. Watthana (2), M.-P. Dubois (1), S. Vessabutr (2)

(1) Centre d'Ecologie Fonctionnelle et Evolutive CNRS, 1919 route de Mende, 34293 Montpellier cedex 05. FRANCE

(2) Queen Sirikit Botanical Garden. P.O. Box 7 Mae Rim, Chiang Mai 50180. THAILAND

Most orchids are mycorrhizal with rhizoctonias, basidiomycetes that are saprobic. They colonize orchid roots and form intracellular hyphal coils (pelotons) in root cells; this is considered as the typical orchid mycorrhiza. Nevertheless, recent investigations on some partly or fully heterotrophic forest orchid, including our new findings on Thailand species, revealed that their mycorrhizae involve fungi such as Russulaceae, Thelephoraceae, *Inocybe*, Sebacinaceae, or even ascomycetes such as *Tuber*. These fungal species are known to form ectomycorrhizae on tree roots, and the same individual can be found both on orchids and on surrounding tree ectomycorrhizae. This demonstrates the ability of a fungal species, and even of an individual fungus, to form two morphologically different types of mycorrhizae. Three main differences can be underlined between orchid- and ecto-mycorrhizae formed by these fungi. (i) The mycorrhizal morphology differs since the fungal colonization occurs within or between the host cells, respectively. This raises questions about the recognition process and suggests that the host plant critically controls to the morphogenesis. (ii) The physiology of these symbioses differs as the carbon flow is reversed in orchid mycorrhizae, raising questions on how carbon is transferred. Noteworthy, fungi are digested in orchid cells after some time, implying a higher turnover than in ectomycorrhizae. (iii) The specificity differs, being often (but not always) higher in orchids, whereas ectomycorrhizae are often unspecific. Conversely, different fungi can be found on the same orchid mycorrhizal root, whereas ectomycorrhizae are more exclusive. We review ectomycorrhizal fungal species colonizing orchid roots, in temperate and tropical species, insisting on the symbiosis functioning and specificity in partly to fully heterotrophic orchids. For example, Russulaceae are associated to orchid roots all over the world, and illustrate the plasticity of association in a mainly ectomycorrhizal fungal family.

(1) M. ROY *et al.*, 2009. Ectomycorrhizal *Inocybe* species associate with the mycoheterotrophic orchid *Epipogium aphyllum* but not its asexual propagules. *Annals of Botany* 104: 595 - 610.

(2) M. ROY *et al.*, 2009. Mycoheterotrophic orchids from Thailand tropical dipterocarpacean forests associate with a broad diversity of ectomycorrhizal fungi. *BMC Biology* 7: 51.

(3) F. MARTOS *et al.*, 2009. Independent recruitment of saprotrophic fungi as mycorrhizal partners by tropical achlorophyllous orchids. *New Phytologist*, sous presse.

(4) M.-A. SELOSSE *et al.*, 2010. New (saprotrophic) fungal symbionts for achlorophyllous orchids. *Plant Signaling and Behaviour*, sous presse.

Keywords: orchids, mycorrhizae, heterotrophic plants