

ÉPIDÉMIOLOGIE 2020.

Résultats marquants

Depuis 2013, un suivi des populations de *Phytophthora infestans* est organisé en France. Cette surveillance a vu notamment l'arrivée d'une nouvelle lignée clonale, EU_37_A2, puis l'expansion d'EU_36_A2, au détriment de celle-ci. Elle confirme également la régionalisation des structures de populations.



Romain Mabon, Inrae

Adaptable, *Phytophthora infestans*, l'agent du mildiou de la pomme de terre et de la tomate, réagit rapidement aux changements majeurs de son environnement via la production de nouvelles lignées clonales. Depuis 2013, grâce à la mobilisation des acteurs régionaux et au soutien scientifique d'Inrae, un suivi des populations présentes est organisé en France pour surveiller ces évolutions.

Cette épidémiologie repose sur :
 → **une collecte simplifiée des échantillons biologiques**, par simple écrasement d'un tissu symptomatique sur une carte FTA, permettant de fixer et de conserver l'ADN de l'échantillon (voir photos ci-dessus) ;

→ **une caractérisation des génotypes présents** par amplification de

microsatellites, courtes séquences répétées dans le génome du parasite, à partir de l'ADN contenu sur ces cartes. Ceci fournit l'empreinte génétique de chaque individu, et ainsi l'identification des principaux clones et variants présents sur le territoire. Cette méthode d'identification étant partagée au niveau européen, les résultats français peuvent ainsi être aisément mis en regard de ceux des pays voisins pour mieux tracer les mouvements des populations du parasite. La compilation des résultats à l'échelle européenne est effectuée et rendue publique tous les ans sous forme de cartes interactives par le réseau EuroBlight.

QUELQUES RÉSULTATS MARQUANTS POUR 2020

→ **Une épidémie assez faible, du fait de la sécheresse estivale.**

Le mildiou est une maladie très dépendante des conditions climatiques. Aussi, la climatologie de l'année 2020 en France a, comme en 2019, assez fortement limité le développement épidémique de la maladie. En effet, malgré un démarrage précoce du fait des pluies de la fin du printemps, en particulier dans les régions océaniques à implantation précoce des cultures (Bretagne tout spécialement), l'épidémie a vu son cours quasiment interrompu durant toute la période estivale dans la

plupart des régions, du fait d'une sécheresse intense associée à des températures inhabituellement élevées. Les infections n'ont repris qu'en toute fin de saison, et seulement de manière très localisée et souvent sporadique.

→ **L'expansion d'EU_36_A2, au détriment d'EU_37_A2, alors que EU_13_A2 reste bien présente.**

Ce développement épidémique limité a restreint le nombre d'échantillons ayant pu être collectés lors de la campagne. Cependant, comme l'an dernier, une centaine de cartes était exploitable et les échantillons correspondants ont pu être génotypés. La plus grande proportion de ces échantillons venait de Bretagne (plus de la moitié), avec un nombre de prélèvements inférieur mais significatif en Normandie et dans les Hauts-de-France. L'effectif analysable dans les autres régions (Centre Val de Loire, Pays de la Loire, Nouvelle Aquitaine, Grand Est) est sensiblement plus faible, ce qui impose à une assez grande prudence pour leur interprétation.

Comme le montre la cartographie page suivante, le changement majeur est l'expansion de la nouvelle lignée clonale EU_36_A2 (en rose pâle) dans les Hauts-de-France, mais surtout en Normandie et dans le centre de la France, et ce au détriment essentiel-

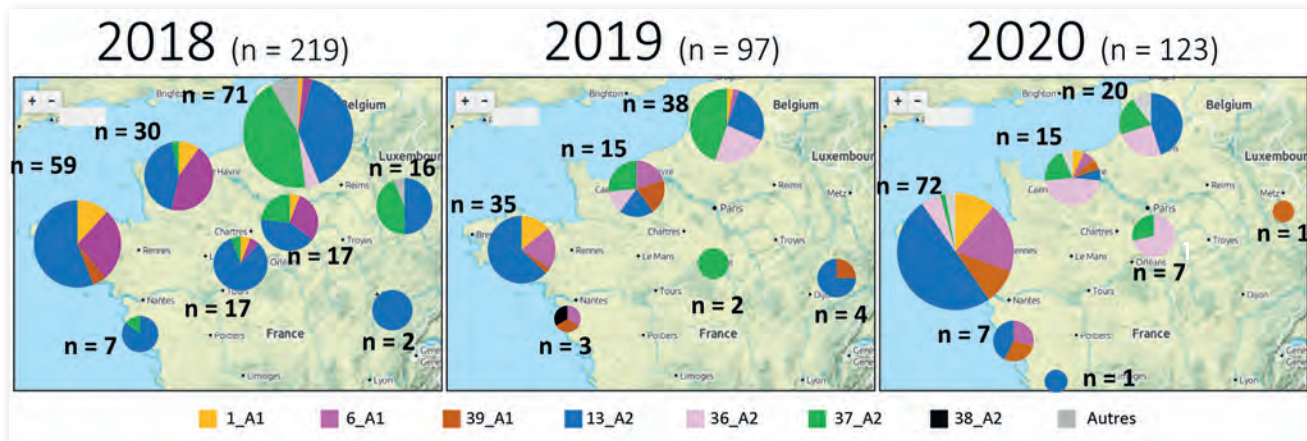
POUR EN SAVOIR +



• <https://agro.au.dk/forskning/internationale-plattform/euroblight/pathogen-monitoring/about-pathogen-monitoring>

Fréquence des lignes clonales dans les différentes régions françaises en 2018, 2019 et 2020.

(Chaque lignée est représentée par une couleur, et n est le nombre d'échantillons analysés pour chaque région)



lement des lignées EU_37_A2 (vert) et EU_6_A1 (rose vif).

L'expansion de la lignée EU_36_A2, dont la présence avait été notée l'an passé mais dans des proportions bien plus faibles, est également d'actualité depuis quelques années dans les pays voisins du nôtre, en particulier le Benelux et le Royaume-Uni. Elle s'est propagée à d'autres pays européens en 2019, comme l'Allemagne (fréquence de 25 %), mais aussi l'Espagne, le Portugal, etc.

Dans le même temps, la lignée EU_13_A2 (bleu foncé), très présente et dominante depuis le milieu des années 2000, persiste dans la plupart des régions.

La forte progression de la lignée EU_37_A2 notée en 2018 et 2019 dans le nord et le centre du pays ainsi qu'en Normandie ne se confirme pas, et tend même à s'inverser. Cette tendance semble également vraie dans les pays voisins (Benelux et Royaume-Uni). Cette lignée étant peu sensible au fluazinam, il est possible que son recul soit dû à une utilisation plus réduite de cette matière active à la faveur d'une épidémie moins sévère et d'un remplacement progressif des produits qui la contiennent. Cela méritera d'être

surveillé de près en cas d'épidémie bien plus active.

Enfin, on peut noter également la persistance dans l'ouest de quelques lignées "historiques" (EU_1_A1 - orange ou EU_6_A1 - rose vif), et la présence dans diverses régions, mais à faible fréquence, de la lignée EU_39_A1 (marron) sur tomate, mais aussi sur pomme de terre.

La régionalisation des structures de populations, déjà notée lors des années passées (en particulier en 2017, 2018 et 2019), se confirme donc encore en 2020. Notons ainsi que certaines régions, comme la Normandie, au carrefour des grands bassins de production du nord du pays et de la Bretagne, possèdent des populations du parasite les plus diversifiées, probablement par mélange.

QUELLES CONSÉQUENCES IMMÉDIATES POUR LA LUTTE ?

Les caractéristiques de la lignée émergente EU_36_A2 sont encore assez mal connues, puisque ce génotype était jusqu'ici peu présent dans les collectes françaises. Il semble cependant, au vu des premiers éléments de caractérisation phénotypique obtenus par Inrae et de don-

nées de l'étranger, que cette lignée ne montre pas de perte de sensibilité aux produits de traitement employés actuellement. Sur le plan du pouvoir pathogène, elle se distingue peu d'EU_37_A2 pour sa virulence (capacité à contourner des gènes R de résistance spécifique) ; les isolats analysés contournent en moyenne 6 à 8 des 11 gènes R majeurs provenant de *Solanum demissum*. En revanche, le niveau d'agressivité des souches EU_36_A2 est intermédiaire entre celui des souches EU_6_A1 (les plus agressives) et celui des souches EU_13_A2 et EU_37_A2 (les moins agressives). Les souches EU_36_A2 semblent en particulier avoir une période de latence (temps écoulé entre l'inoculation et l'apparition des premières spores) assez courte, ce qui peut entraîner un enchaînement rapide des cycles épidémiques en conditions climatiques favorables. De plus, ces souches semblent, toujours d'après des observations faites à l'étranger (en particulier au Royaume-Uni), assez agressives sur tubercules, ce qui pourrait favoriser leur persistance au sein des tas de déchets, un démarrage plus précoce des épidémies et donc leur expansion. Le panel variétal et les

La période de latence assez courte d'EU_36_A2 pourrait entraîner un enchaînement rapide des cycles épidémiques en conditions favorables.

EU_36_A2 semble assez agressive sur tubercules. Attention à sa persistance au sein des tas de déchets pouvant favoriser un démarrage plus précoce des épidémies.

●●● conditions d'infection automnale étant différents en France, ces résultats mériteraient cependant d'être confirmés dans nos conditions. Toutefois, on peut remarquer qu'il y a eu à l'automne 2019 une fréquence significative de cas de mildiou sur tubercules (contaminations tardives en saison), ce qui pourrait avoir favorisé ce génotype.

Pour sa part, la lignée EU_37_A2 est, comme l'ont confirmé plusieurs études, nettement moins sensible au fluazinam que les autres génotypes présents en France et en Europe. Dès lors, son développement s'accompagne d'une baisse de l'efficacité de cette matière active au champ dans les régions concernées. Comme suggéré précédemment, il est possible que la régression de la lignée EU_37_A2 par rapport à l'année précédente puisse être la conséquence d'un emploi plus rare de cette matière active. Aucune déviation dans la sensibilité aux autres matières actives principales n'a été observée, ni chez cette lignée, ni chez les autres. En revanche, la lignée EU_37_A2 n'est ni plus agressive sur la variété sensible Bintje que celles présentes antérieurement, en particulier la lignée EU_6_A1, ni

capable de surmonter plus de gènes de résistance de la plante. L'émergence de la lignée EU_36_A2 et la présence d'EU_37_A2 n'induisent donc *a priori* pas de risque spécifique pour le développement des variétés résistantes.

Il en va de même concernant la lignée EU_39_A1, dont les quelques souches testées jusqu'ici montrent un faible niveau de virulence (contournement uniquement de 4 à 5 gènes R sur les 11 gènes R de la gamme différentielle) et une agressivité proche de celle des souches EU_36_A2. La persistance de la lignée historiquement dominante EU_13_A2 tient peut-être à la capacité de cette lignée à surmonter de très nombreux gènes de résistance (c'est la lignée la plus virulente parmi celles bien caractérisées jusqu'ici). Des observations réalisées sur les parcelles expérimentales Inrae de Ploudaniel (Finistère), révèlent que cette lignée est en effet très dominante, voire seule présente sur de nombreux génotypes et variétés de pomme de terre possédant des gènes de résistance au mildiou. C'est donc un facteur d'adaptation au paysage variétal actuel qui se renouvelle et s'enrichit tous les ans de nouvelles

variétés résistantes. Signalons aussi que les souches de cette lignée sont également très majoritairement résistantes au métalaxyl et aux matières actives de la même famille (phénylamides), qui sont cependant très peu utilisées actuellement.

LA SURVEILLANCE SE POURSUIT EN 2021

Les données de surveillance sont un élément important pour la lutte, comme le montre l'émergence et l'extension des lignées EU_36_A2 et EU_37_A2 ainsi que la variation importante de fréquence des lignées historiques (EU_13_A2 et EU_6_A1) dans certaines régions. La surveillance des populations de *P. infestans* s'avère donc très utile, et le dispositif déployé ces dernières années, fondé sur une organisation régionalisée de collecte des échantillons avant typage génétique par Inrae, sera reconduit en 2021 avec la collaboration des mêmes acteurs. Les personnes en régions souhaitant participer à la collecte des échantillons, sur pomme de terre comme sur tomate, peuvent contacter celles indiquées dans l'**encadré ci-contre**, qui leur fourniront des cartes FTA vierges, un mode d'emploi et les instructions pour faire parvenir les échantillons. Inrae continuera pour sa part à assurer le génotypage et la synthèse des résultats.

Nous tenons à remercier l'ensemble des acteurs de terrain pour leur forte implication dans la collecte des échantillons. Leur contribution permet de continuer le travail déjà réalisé pour suivre en temps réel l'évolution des populations de *P. infestans* sur l'ensemble du territoire français, mais aussi d'être des intervenants reconnus dans le consortium européen de monitoring des souches de mildiou. /

Didier Andrivon, INRAE, avec le concours des animateurs et contacts du réseau

ZOOM

Les contacts du réseau d'épidémiologie

Collecte d'échantillons :

Bretagne : Julie Le Moal (j.lemoal@plantsdebretagne.com), Arnaud Barbary

Hauts-de-France, Normandie, Grand Est : Pauline Dewaegeneire (pauline.dewaegeneire@inov3pt.fr), Anaïs Tournel (a.tournel@arvalis.fr)

Centre-Val de Loire, Pays de la Loire, Nouvelle Aquitaine, Auvergne-Rhône-Alpes : Cyprien Morée (cyprien.moree@comitecentreesud.fr); Philippe Laty

Autres régions : Guillaume Saubeau (guillaume.saubeau@florimond-desprez.fr); Denis Gaucher (d.gaucher@arvalis.fr).

Typage, analyse des résultats et rédaction de la note :

Inrae, UMR Igepp, Domaine de la Motte - BP 35327 - 35653 Le Rheu

Romain Mabon, Michèle Guibert, Roselyne Corbière et Didier Andrivon (didier.andrivon@inrae.fr).