

ÉPIDÉMIOVIGILANCE MILDIOU 2021

LES GÉNOTYPES CHANGENT!

Depuis 2013, un suivi des populations présentes de *Phytophthora infestans* a été organisé en France. 2021 montre une régression des lignées historiques au bénéfice de génotypes nouveaux, mais aussi une forte progression, dans toutes les régions, de la lignée EU_36_A2.



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. Ces derniers influent directement sur la mise en place de méthodes efficaces et durables de contrôle des épidémies. Depuis 2013, grâce à la mobilisation des acteurs régionaux et au soutien scientifique d'Inrae, un suivi annuel des populations de *P. infestans* est organisé en France pour surveiller ces évolutions. Cette épidémiosurveillance repose sur :

→ **UNE COLLECTE SIMPLIFIÉE D'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 1 et 2 ci-dessus) ;

→ **UNE CARACTÉRISATION DES GÉNOTYPES DE *P. INFESTANS* 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 être aisément mis en regard de ceux des pays voisins pour mieux tracer et comprendre les changements affectant les populations du parasite. La compilation à l'échelle européenne est effectuée et rendue publique tous les ans sous forme de cartes interactives par le réseau EuroBlight (<https://agro.au.dk/forskning/internationale-plaforme/euroblight/pathogen-monitoring/about-pathogen-monitoring/>).

QUELQUES RÉSULTATS MARQUANTS POUR 2021

→ UNE FORTE ÉPIDÉMIE, DU FAIT D'UN PRINTEMPS ET D'UN ÉTÉ PLUVIEUX

Le mildiou est une maladie très dépendante des conditions climatiques. Ainsi, après trois années de conditions peu favorables, la climatologie de 2021 en France a favorisé un développement épidémique rapide, voire explosif, de la maladie. Les précipitations abondantes de la fin du printemps et du début d'été (de mai à mi-juillet) ont conduit à des infections assez précoces et à une extension rapide des foyers. Elles ont

aussi limité la possibilité d'interventions aux champs. La pression épidémique est donc restée élevée jusqu'en fin de culture, même si les défanages et les récoltes ont pu se faire dans d'assez bonnes conditions. De même, les attaques de mildiou sur pomme de terre et sur tomate ont été nombreuses et souvent sévères dans les jardins de particuliers, un peu partout sur le territoire.

→ UNE RÉGRESSION DES LIGNÉES HISTORIQUES AU BÉNÉFICE DE GÉNOTYPES NOUVEAUX

Ce développement épidémique important a permis de collecter, malgré les contraintes liées au Covid-19, près de trois fois plus d'échantillons que lors des années précédentes (2019 et 2020). Ce nombre élevé fournit ainsi une image à la fois plus précise (dans les régions habituellement bien échantillonnées – Bretagne, Normandie, Bassin parisien, Hauts-de-France), mais aussi plus complète, avec une bien meilleure couverture de zones habituellement peu touchées par le mildiou (Champagne, Grand Est, sud du Bassin parisien).

Comme le montrent les cartes page suivante (voir 3), cinq enseignements principaux peuvent être tirés des données de génotypage obtenues :

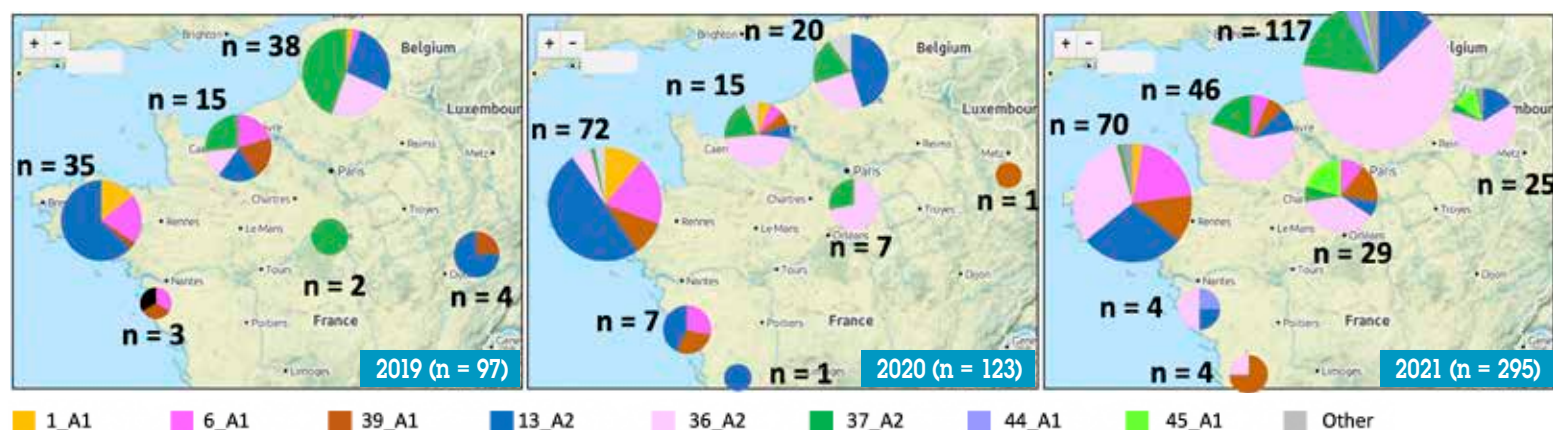
1. Une forte progression, dans toutes les régions, de la lignée EU_36_A2 (rose pâle).

2. Une présence stable, voire en légère régression, de la lignée EU_37_A2 (vert foncé), surtout dans le Nord et



En 2022, l'application VigiMildiou va permettre aux professionnels comme aux particuliers de signaler la présence de mildiou."

3 Fréquence des lignes clonales de *Phytophthora infestans* dans les différentes régions françaises en 2019, 2020 et 2021.



Chaque lignée est représentée par une couleur, "n" indique le nombre d'échantillons analysés pour chaque région.

en Normandie. La présence de cette lignée reste sporadique en Bretagne, ainsi que dans le sud du Bassin parisien et le nord-est du pays.

3. Une forte régression de la lignée historique EU_13_A2 (bleu) qui reste néanmoins présente dans toutes les régions.

4. Une persistance localisée d'autres lignées historiques (EU_6_A1, EU_1_A1) ou spécialisées (EU_39_A1, souvent rencontrée sur tomate), en particulier dans l'Ouest.

5. L'émergence de deux nouvelles lignées : EU_44_A1 (parme), présente en particulier dans des jardins de particuliers sur pomme de terre et tomate, génétiquement proche de EU_39_A1, ainsi que de EU_45_A1 (vert vif), détectée dans le Nord-Est et le Bassin parisien, mais aussi en Allemagne, et dont les caractéristiques (pouvoir pathogène, sensibilité aux fongicides) ne sont pas encore connues. Cette lignée semble surtout présente sur pomme de terre, une seule des dix souches collectées provenant d'une tomate cultivée dans un jardin de particulier.

→ **UNE SÉPARATION NETTE, MAIS PAS ABSOLUE, ENTRE POPULATIONS PRÉSENTES SUR POMME DE TERRE ET TOMATE**
L'échantillonnage 2021 comportait

pour la première fois un nombre assez significatif de prélèvements provenant de jardins, sur pomme de terre mais aussi sur tomate. L'analyse de ces échantillons montre une forte prédominance de la lignée EU_39_A1 sur tomate (13 souches sur les 23 prélevées), par ailleurs assez rare sur pomme de terre (seulement 7 souches appartenant à cette lignée, collectées en parcelles commerciales de pomme de terre). Notons que certaines lignées, telles EU_36_A2 ou EU_44_A1, semblent capables d'infecter les deux hôtes dans des proportions équivalentes. Les contaminations croisées entre parcelles commerciales et jardins particuliers sont donc très probables, au moins lorsque les lignées en question sont présentes.

QUELLES CONSÉQUENCES IMMÉDIATES POUR LA LUTTE ?

Les caractéristiques de la lignée émergente EU_36_A2 ne montrent pas de perte de sensibilité aux produits de traitement employés actuellement. Sur le plan du pouvoir pathogène, elle se distingue peu de 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 (quantité et gravité des symptômes produits) est intermédiaire, entre celui des souches EU_6_A1 (les plus agressives) et celui des souches EU_13_A2 (les moins agressives). Les souches EU_36_A2 semblent 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. Ceci pourrait expliquer leur expansion rapide en 2021. De plus, ces souches semblent, toujours d'après des observations faites à l'étranger (en particulier au Royaume-Uni), assez agressives sur tubercules.

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, la régression de la lignée EU_37_A2 depuis son apogée en 2019 résulte probablement d'un



La lignée EU_36_A2 (rose pâle) réalise en 2021 une forte progression, dans toutes les régions."

●●● 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 les variétés sensibles 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 de 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 sa capacité à surmonter de très nombreux gènes de résistance (c'est la lignée la plus virulente parmi celles bien caractérisées jusqu'ici). Des observations réalisées en parcelles expérimentales comme en culture 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 majeurs 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 métaxyl et aux matières actives de la même famille (phénylamides), qui ne sont plus homologuées contre le mildiou de la pomme de terre.

Nous n'avons encore que très peu d'information sur les caractéristiques des autres lignées détectées dans le suivi, en particulier les deux génotypes émergents (EU_44_A1 et EU_45_A1). Des travaux sont en cours à Inrae pour mieux cerner les capacités biologiques de ces souches.

La présence de certains génotypes communs aux deux hôtes (pomme de terre et tomate), y compris dans les jardins, souligne le risque de contaminations croisées entre compartiments cultivés et impose une gestion collective du risque mildiou à l'échelle d'un territoire. L'un des objectifs du projet Synaptic, en cours avec le soutien du plan Ecophytoll+, est justement de comprendre ces voies de contamination.

Les données de surveillance sont un élément important de pilotage de la lutte. Le dispositif déployé ces dernières années, fondé sur une organisation régionalisée de collecte des échantillons avant typage génétique

par Inrae, sera reconduit en 2022 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. Elles 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.

LANCEMENT DE VIGIMILDIU EN 2022

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.

Ce dispositif bénéficiera dès 2022 de la possibilité de relier très simplement observation du stade épidémique et collecte d'échantillons, grâce à l'application participative **Vigi-Mildiou** développée dans le cadre du projet Synaptic. Cette application, téléchargeable gratuitement via les plates-formes de GooglePlay et AppStore, permet à tous les acteurs, professionnels ou particuliers, de renseigner en quelques secondes et depuis un smartphone la présence de mildiou. Ces observations peuvent être évidemment l'occasion de prélever, via les cartes FTA, les échantillons qui entreront alors dans le dispositif de surveillance annuelle. C'est donc un moyen pour chacun de contribuer directement à l'effort national de suivi des populations de *P. infestans*, au bénéfice de tous! / **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, François Ghigonis (f.ghigonis@arvalis.fr)

Hauts de France, Normandie, Grand Est :

Pauline Dewaegeneire (pauline.dewaegeneire@fn3pt.fr)

Clément Mabire, 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)

François Ghigonis (f.ghigonis@arvalis.fr)

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)