

**AFPP – ONZIÈME CONFÉRENCE INTERNATIONALE SUR LES MALADIES DES PLANTES
TOURS – 7 AU 9 DÉCEMBRE 2015**

**EPIDEMIOSURVEILLANCE DU MILDIOU DE LA POMME DE TERRE EN FRANCE :
UNE NOUVELLE DYNAMIQUE VENUE D'EUROPE**

C. CHATOT ⁽¹⁾, R. MABON ⁽²⁾, D. ANDRIVON ⁽²⁾, D. GAUCHER ⁽³⁾ et R. CORBIERE ⁽²⁾

⁽¹⁾ GERMICOPA SAS, Kerguivarch, 29520 Chateauneuf du Faou, France
catherine.chatot@germicopa.fr

⁽²⁾ INRA, UMR 1349 IGEPP, Domaine de la Motte, 35653 Le Rheu, France
romain.mabon@rennes.inra.fr ; didier.andrivon@rennes.inra.fr ; roselyne.corbiere@rennes.inra.fr

⁽³⁾ ARVALIS-Institut du Végétal, 91720 Boigneville, France
d.gaucher@arvalisinstitutduvegetal.fr

RÉSUMÉ

Phytophthora infestans est le principal bioagresseur de la pomme de terre. Sa capacité d'adaptation (contournement de gènes de résistance variétale, résistance aux fongicides, évolution des traits de vie) fait courir un risque majeur pour le déploiement à grande échelle de la protection intégrée et nécessite la mise en place d'un dispositif d'épidémio-surveillance efficace. Dans le cadre du groupe de travail européen Euroblight, une action nationale concertée impliquant l'ensemble de la filière pomme de terre a été initiée en 2013. Deux années de monitoring (2013-2014) ont déjà fourni des acquis notables sur 1) la structuration génotypique des populations de *P. infestans*, 2) le typage sexuel et 3) les profils de virulence. Les résultats acquis montrent l'intérêt de combiner évaluation génotypique et phénotypique dans le suivi des populations de *P. infestans* et ouvrent des pistes pour enrichir les outils d'aide à la décision utilisés contre le mildiou.

Mots-clés : Epidémiosurveillance, *Solanum tuberosum*, *Phytophthora infestans*, génotypage, virulence.

ABSTRACT

MONITORING OF POTATO LATE BLIGHT IN FRANCE: A NEW INCENTIVE COMING FROM EUROPE

Due to its high level of plasticity, *Phytophthora infestans*, being the major threat to potato crop, requires exhaustive biosurvey for a large and efficient deployment of integrated crop protection practices. Within the Euroblight framework, a concerted action was launched in 2013 all over Europe and the French potato industry (seed, ware and processing) joined the project and went into action altogether with scientific, technical, breeders and professional partners. During the 2 successive seasons (2013-2014), valuable data have been collected in terms of 1) genotypic structures of *P. infestans* populations, 2) biological traits such as mating time (A1/A2) and 3) virulence profile. Improvement of integrated late blight management with monitoring data will be discussed.

Keywords: Monitoring, *Solanum tuberosum*, *Phytophthora infestans*, genotype, virulence.

INTRODUCTION

Le mildiou de la pomme de terre, causé par *Phytophthora infestans*, est le principal bioagresseur des cultures de pommes de terre en France. Cette maladie est redoutable, tant par son caractère fortement épidémique que par sa capacité à attaquer tous les organes de la plante (feuilles, tiges et tubercules) à tous les stades de développement de la culture, dès lors que les conditions climatiques sont propices. Or, du nord au sud de l'Hexagone, le climat rencontré lors de la période de végétation est régulièrement favorable à très favorable aux attaques de mildiou (températures douces et humidité) comme le montrent les courbes de risque mildiou issues de Mileos® sur 10 ans. Aujourd'hui, la principale méthode de lutte contre cette maladie est l'application répétée et préventive de fongicides de synthèse [IFT fongicide moyen 2011 : 11.6, source Agreste nov. 2013]. Pour réduire cette très forte dépendance aux pesticides, les filières professionnelles et leur instances scientifiques et techniques tentent depuis plusieurs années de promouvoir la mise en place d'une véritable protection intégrée appuyée sur 1) l'utilisation d'un outil d'aide à la décision (Mileos®, issu des travaux conjoints d'ARVALIS et de la DGAL), 2) la valorisation de la résistance variétale au mildiou et 3) la mise au point de programmes innovants de traitements basés sur des doses réduites de fongicides associées à des produits de bio-contrôle (stimulateurs de défenses des plantes par ex.). Toutefois, malgré les efforts déployés par l'ensemble de la profession et encadrés par les pouvoirs publics au travers des BSV, l'évolution de ce pathogène reste très difficile à appréhender, et surtout à anticiper. De ce fait même, la durabilité de la démarche de protection intégrée est en jeu (Plan Ecophyto).

Un des facteurs limitant cette compréhension est la grande variabilité du pathogène, dont les populations sont sujettes à de profonds et rapides changements (Andrison, 1994 ; Montarry *et al.*, 2010 ; Cooke *et al.*, 2012). Si les travaux de suivi de populations, à l'aide de marqueurs génétiques neutres permettent de constater ces bouleversements -à large échelle- des structures génétiques, ils fournissent encore peu de clés pour en anticiper la survenue, et plus encore, les conséquences biologiques telles le contournement de gènes majeurs de résistance (Anonyme, 2011 ; Vleeshouwers *et al.*, 2011 ; Nowicki *et al.*, 2012), la modification du potentiel épidémique (Rakotonindrain *et al.*, 2012a et b) ou le développement de souches résistantes aux matières actives (Cohen et Reuveni, 1983 ; Gisi et Cohen, 1996 ; Kessel *et al.*, com. personnelle). Une hypothèse largement répandue, mais qui reste à vérifier, est que les changements de structures génétiques de populations s'accompagnent d'une augmentation du niveau de pouvoir pathogène des souches qui les constituent (Fry *et al.*, 1993 ; Cooke *et al.*, 2012). Sur cette base, faisant l'hypothèse d'un lien étroit entre le génotype des isolats et leurs caractéristiques biologiques (en particulier le pouvoir pathogène), l'essentiel des travaux actuels de monitoring des populations repose sur le génotypage des isolats par marquage moléculaire (Cooke *et al.*, 2012 ; Li *et al.*, 2012).

Or, pour mieux comprendre, et donc pouvoir anticiper, les évolutions potentielles de cette maladie à dissémination aérienne, il est indispensable, d'une part, de procéder à des échantillonnages sur des échelles spatiales significatives, soit d'un bassin de production, soit à l'échelle d'un pays voire d'un ensemble de régions proches géographiquement. Il est essentiel, d'autre part, de progresser sur la connaissance de liaison éventuelle entre 'le génotype' et 'le phénotype'. C'est le défi que s'est lancé le réseau EuroBlight (www.euroblight.net) dès 2010 grâce à la mise au point de marqueurs moléculaires 'robustes' (Lees *et al.*, 2006 ; Mariette *et al.*, 2015), associée à des effectifs importants, facilités par un nouveau support d'empreinte de l'ADN, la carte Whatman™ FTA. Depuis 2013, la filière française de pommes de terre s'est associée à cette démarche, en partenariat avec l'INRA-IGEPP. L'objectif de cette étude est d'une part, de déterminer la structure génotypique des isolats français de *P. infestans*, collectés lors de ce suivi, d'autre part de les caractériser pour leur profil de virulence vis-à-vis de gènes de résistance spécifique et enfin déterminer s'il existe des relations entre le génotype d'un isolat et ses caractères biologiques.

MATERIEL ET MÉTHODES

Collecte des échantillons de *P. infestans*

Depuis la campagne 2013, un dispositif de collecte d'échantillons de feuilles de pomme de terre, infectées par le mildiou, s'est appuyé sur le réseau instauré dans le cadre de la gestion du Bulletin de Santé du Végétal (BSV), il s'est poursuivi en 2014. La grande majorité des régions productrices de pommes de terre, semences, consommation (primeurs, frais, conservation), d'industrie ou de fécule, a contribué à cette action, en fonction des conditions climatiques influençant l'incidence de la maladie. Deux pôles de réception des échantillons ont été mobilisés, en Bretagne (Bretagne Plants, Germicopa) et en Picardie – Nord-Pas de Calais (Eurofins/Arvalis, Sipre CN). Afin d'optimiser l'exploitation de ces collectes, le transfert de l'échantillon, de la parcelle au laboratoire, a été le plus court possible pour permettre la mise en culture stérile de l'isolat.

Gestion de l'échantillon : isolement et empreinte sur carte FTA - Maintenance *in-vitro*

A réception dans l'un de 2 laboratoires nationaux, l'échantillon a été mis en conditions optimales de façon à pouvoir isoler l'individu en conditions stériles (afin de le maintenir vivant) et/ou en collecter une empreinte ADN uniquement (Corbière et Chatot, 2014) (Figure 1).

Les cartes FTA avec empreinte ADN, soit 1 carte = 1 isolat, sont facilement stockables (au sec, à température ambiante) et analysables ultérieurement en effectif groupé.

Lorsque l'isolement en culture stérile a été possible, la maintenance des isolats nécessite un repiquage toutes les 4 à 6 semaines. L'analyse de traits phénotypiques (et génotypiques) ultérieure est donc possible à partir de l'isolat vivant, bien au delà de la période de collecte.

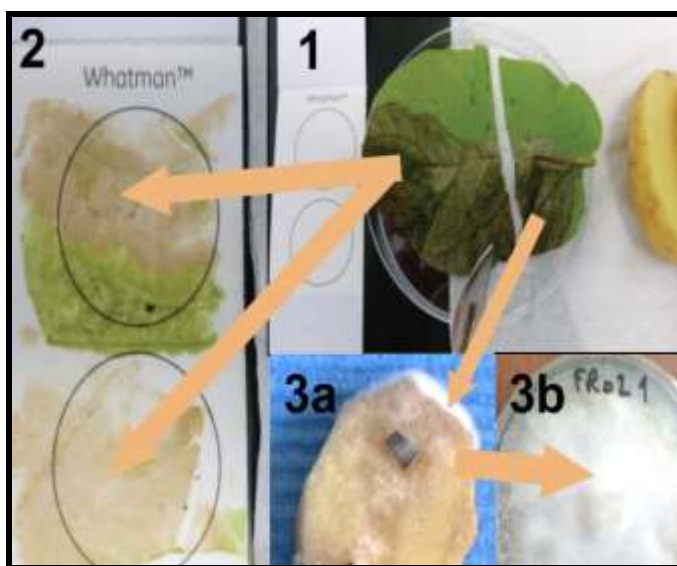


Figure 1 :

Gestion de l'échantillon au laboratoire : 1) mise en chambre humide de la lésion, lorsque le mycélium se développe et sporule, la lésion est scindée en 2, 2) une partie sert à l'empreinte de l'ADN sur les 2 spots de la carte FTA et 3) l'autre partie est déposée sur la section d'un tubercule stérile pour développement de mycélium (3a) avant repiquage sur milieu V8 stérile (3b).

Lab processing of LB sample : 1) leaf lesion set in a humid chamber to sporulate, at sporulating, split lesion into 2 parts, 2) half of lesion goes for DNA printing on the FTA card and 3) second half is set on disinfected tuber section (3a) for sporulation, mycelium is then transferred to sterile V8 agar plate (3b).

Caractérisation moléculaire de *P. infestans* grâce aux 12 microsatellites polymorphes (SSR)

Pour les isolats collectés sur cartes FTA en 2013 et 2014, la caractérisation moléculaire a été mutualisée au niveau européen et réalisée par les équipes écossaise (James Hutton Institute, GB) et néerlandaises (Wageningen, NL).

Une technique adaptée et spécifique à la matrice 'papier filtre Whatman FTA' est pratiquée pour l'extraction de l'ADN des isolats. Les détails de l'analyse moléculaire sont largement accessibles

dans de nombreux articles dont Lees *et al* (2006), Li *et al* (2010) et Mariette *et al* (2015), entre autres. En fonction des profils génétiques obtenus, les isolats seront identifiés comme appartenant soit à l'une des lignées clonales les plus représentées ces dernières années en Europe, comme par exemple, EU_1_A1, EU_2_A1, EU_6_A1, EU_8_A1 ou EU_13_A2, ou bien seront identifiés comme 'AUTRES MLG' dès lors que leurs profils seront uniques, voire partagés par un faible nombre d'individus.

Caractérisation phénotypique de *P. infestans* : le profil de virulence

Le caractère phénotypique évalué dans cette étude est le profil de virulence ; il correspond à l'aptitude d'un isolat donné à contourner, ou pas, un des gènes majeurs de résistance spécifique introduits dans l'espèce cultivée *Solanum tuberosum* au fil des phases successives d'amélioration génétique réalisées en Europe depuis plus d'un demi-siècle.

La gamme d'hôtes différentiels 'historique' ou série de Black (Zhu *et al*, 2015) est composée de 11 gènes majeurs de résistance spécifique, *R1* à *R11*, provenant de l'espèce apparentée *S. demissum* ; cette série de génotypes sera utilisée dans cette étude. Plus récemment, de nouvelles sources de résistance ont été identifiées au sein de l'espèce *S. bulbocastanum*, et deux variétés récemment commercialisées, Bionica et Toluca, seraient porteurs du gène *Rpi-blb2*. De même, les variétés Sarpo Mira (une des variétés les plus résistantes actuellement disponibles sur le marché) et Carolus, sont également incluses dans ce dispositif, la (ou les) source(s) de résistance ne sont pas encore connues avec précision. En résumé, le profil de virulence de *P. infestans* sera évalué à l'aide de 15 hybrides ou variétés possédant un ou plusieurs gènes de résistance, de plusieurs sources différentes ; la variété Bintje constitue le témoin de référence de sensibilité à la maladie.

La méthode utilisée est le test sur foliole détachée (Colon *et al*, 2004 ; Montarry *et al*, 2008) : chaque isolat est inoculé sur 2 folioles de chacun des 15 hôtes différentiels et mis en incubation en chambre humide. Afin de s'assurer d'une agressivité optimale de l'isolat, celui-ci est préalablement multiplié sur la variété sensible Bintje et l'inoculum à étudier provient de la sporulation obtenue sur la variété Bintje. Pour chaque combinaison isolat x génotype de l'hôte, 3 à 4 gouttes (5 µl) d'une concentration ajustée à 5.10^4 sporanges /mL sont déposées sur la face inférieure de la foliole. Pour chaque isolat, l'ensemble des folioles inoculées est placé en chambre humide (100 %HR), à température ambiante (environ 18-20 °C) et avec photopériode naturelle. Au 5^{ème} jour d'incubation, chaque foliole est notée afin de vérifier s'il y a présence, ou non, de lésions avec sporulation (ou pas). Pour chaque combinaison isolat x génotype de l'hôte, la réponse hôte-pathogène est enregistrée et ainsi définie : C, compatibilité (sporulation abondante), HR, réaction d'hypersensibilité ou I (réaction d'incompatibilité). Une réaction de compatibilité sur un gène de résistance donné, *i*, signifie que l'isolat possède le gène de virulence *i* correspondant. Plus le profil de virulence est 'complexe', plus il contourne de gènes de résistance.

Cette caractérisation phénotypique, c'est-à-dire la détermination du profil de virulence, a été réalisée en 2013 (isolats 2013) et 2014 (isolats 2013 et 2014), soit au total sur 52 isolats différents pour lesquels le génotype avait été préalablement établi à l'aide de microsatellites SSR. Nous avons étudié principalement des représentants des 2 lignées clonales majoritaires prévalant actuellement en France et en Europe de l'Ouest, à savoir les lignées EU_6_A1 et EU_13_A2 (Corbière et Chatot, 2014 ; Chatot *et al*, 2015 ; Mariette *et al*, 2015).

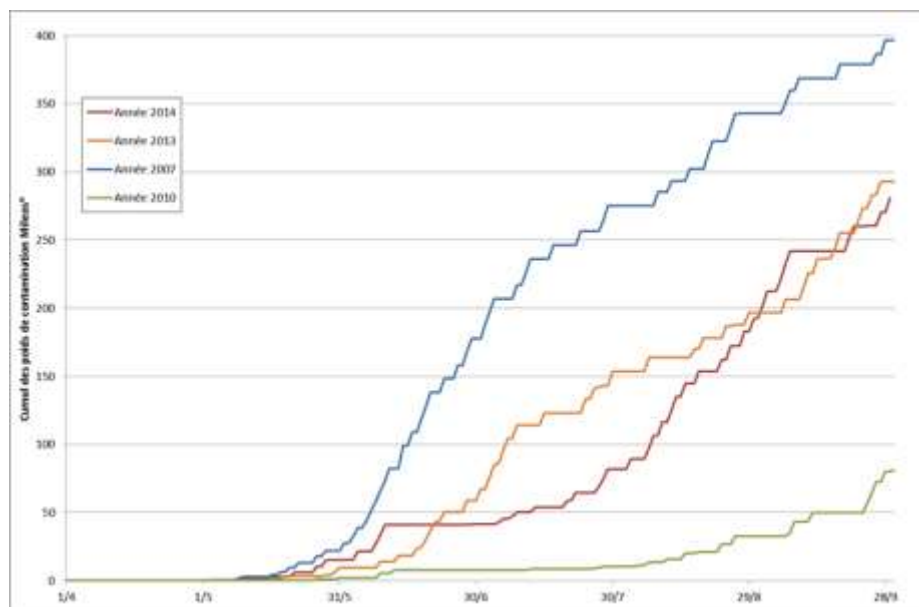
RESULTATS

Structuration génotypique des populations françaises et européennes, 2013-2014

L'action initiée dans le cadre du groupe de travail européen Euroblight a fait l'objet d'une restitution collective en Mai 2015 à Brasov (Roumanie). Les principaux résultats d'analyse génotypique des populations européennes de *P. infestans* sont diffusés sous forme graphique sur le site du réseau EuroBlight (www.euroblight.net).

La participation française a été croissante, 131 empreintes sur cartes FTA en 2013 et 170, en 2014, traduisant l'engagement de davantage de partenaires collecteurs sur le territoire, la pression parasitaire ayant été moyenne à forte sur l'ensemble du territoire pour ces deux années (Fig 2). Les effectifs par région (Fig 4) ne sont pas que partiellement le reflet de la pression sur le terrain (même si, par tradition, la Bretagne a la réputation d'être une région pluvieuse), une étude en cours (thèse de N. Mariette) a occasionné une collecte plus intensive dans les Côtes d'Armor, zone de production de primeurs.

Figure 2 : Graphique comparatif d'évolution des épidémies de mildiou (2007,2010,2013,2014) en Picardie (Villers-Saint-Christophe, Aisne)
Comparative graph of the evolution of late blight epidemics (2007,2010,2013,2014) in Picardy (Villers-Saint-Christophe, Aisne)



Outre une présentation graphique très pédagogique, le site Euroblight permet une analyse 'à façon' des données SSR, par année, par lieu/continent ou par lignée clonale.

Pour les données des années 2013-2014, il est intéressant de noter la structure génotypique de toute l'Europe en général, avec une prédominance des lignées clonales dans l'Europe de l'Ouest et des Iles Britanniques, les lignées EU_6_A1 et EU_13_A2 étant majoritaires, alors que dans les Pays Scandinaves et en Europe de l'Est, la diversité est maximale, puisqu'à l'extrême chaque isolat est une lignée unique et qu'il n'y a aucun regroupement possible entre les génotypes, ils sont tous différents. Cette dernière situation est la traduction de l'existence d'une reproduction sexuée via les oospores.

La situation des populations françaises pour 2013 et 2014 est illustrée en Figure 4. Elles restent dominées par des lignées clonales majoritaires dont EU_13_A2 ('blue') présente largement en Europe de l'Ouest, du Centre et du Sud et dominante depuis 2006-2007, et EU_6_A1 ('pink'), actuellement en expansion en France. Les lignées clonales EU_1_A1, EU_2_A2 déjà identifiées en 2001, sont encore présentes mais avec de faibles effectifs. Enfin, à noter le faible pourcentage d'isolats 'AUTRES MLG'

(‘gris’), ou multiples lignées clonales minoritaires : cette situation est complètement inverse en Europe du Nord (Scandinavie, Pologne et Pays Baltes) où les ‘Autres MLG’ dominent, traduisant la présence de reproduction sexuée de *P. infestans*.

Il est possible d’établir la variabilité génétique ‘intra-clone’ et il est intéressant de noter que le sous-ensemble de la lignée EU_13_A2 (nœuds ‘bleu’ sur Figure 3) est particulièrement étalé, traduisant une variabilité importante à l’intérieur de cette lignée clonale.

Figure 3 :

Variabilité génétique intra-lignée clonale de *P. infestans* (Europe, 2013-2014)
(Source Euroblight)
Genetic variability within clonal lines of *P. infestans* (Europe, 2013-2014)
(Source Euroblight)

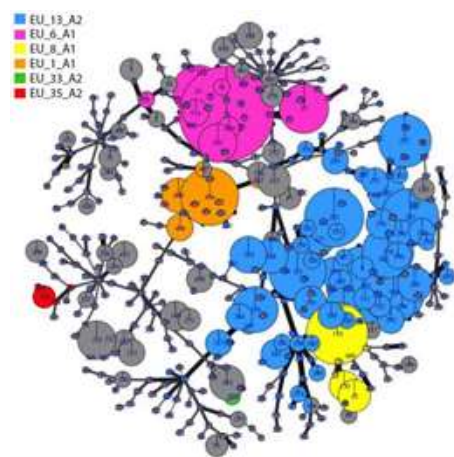
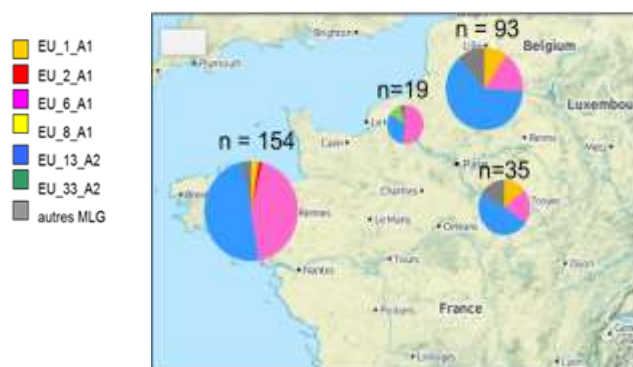


Figure 4 :

Fréquence des génotypes de *P. infestans* en France (2013-2014) pour 301 empreintes
P. infestans genotype frequencies in France (2013-2014) for 301 FTA card prints



Profils de virulence associés aux lignées clonales EU_6_A1 et EU_13_A2

Au total, 52 isolats ont été analysés, dont 25 isolats de la lignée clonale, EU6_A1, 20 de la lignée EU_13_A2 et 7 isolats de génotypes différents non majoritaires, le faible effectif de ces derniers isolats n’a pas permis d’en exploiter les résultats.

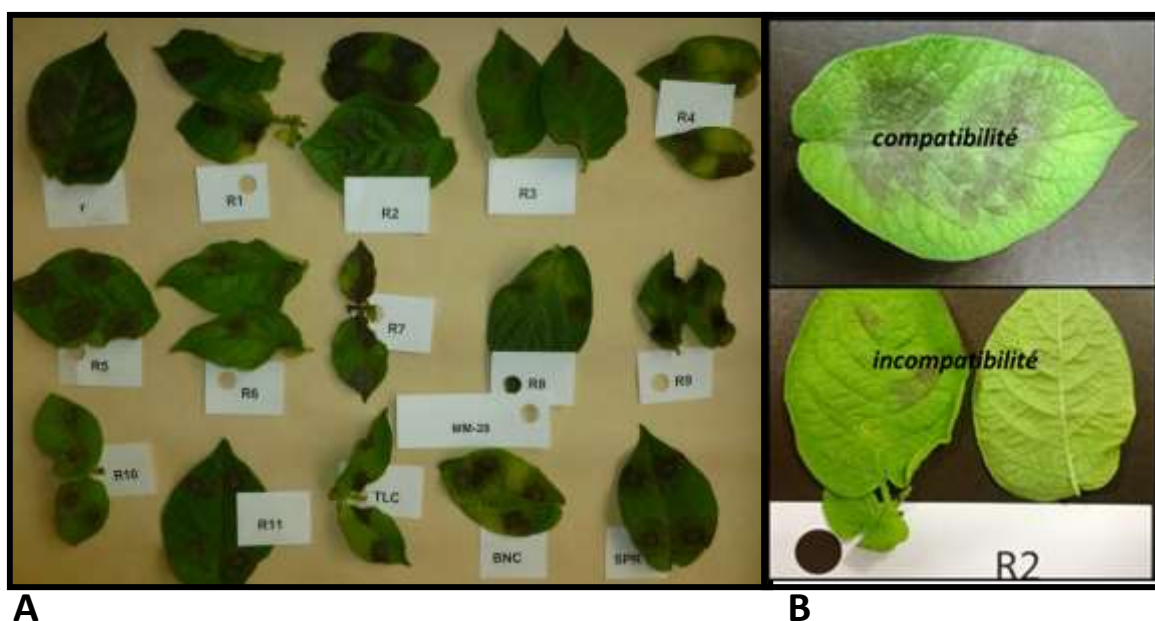
La Figure 5 illustre la phase finale de cette évaluation ; pour cet isolat, le profil de virulence est complexe et contient les gènes de virulence à tous les gènes majeurs de résistance à l’exception de *R8*.

- Tous les isolats étudiés ont provoqué des lésions sporulantes sur la variété Toluca ; l’expression de gène de résistance, *Rpi-blb2*, n’est donc pas opérationnel en conditions de laboratoire. Ce résultat est en accord avec les commentaires fournis par l’obteneur (Allefs S., com. personnelle). Seuls 36 % des isolats analysés (tous génotypes confondus) peuvent infecter la variété Sarpo Mira. En revanche, aucun isolat ne peut produire de lésion (ou de lésion sporulante) sur la variété Carolus. Ces deux variétés possèdent donc une résistance avec un large spectre d’activité en condition de laboratoire et indépendamment de la lignée clonale, EU_13_A2 ou EU_6_A1.

Figure 5:

Réalisation du test sur foliole détachée (A) : dans une terrine, sont disposées 1 à 2 folioles de chacun des 15 génotypes de pomme de terre résistants (gamme d'hôtes différentiels, R1 à R11 issus de *S. demissum* et 3 génotypes complexes, Sarpo Mira, Bionica et Toluca. (B) : La relation 'hôte-pathogène' est généralement facilement distinguable, lésion=compatibilité, réaction d'hypersensibilité ou immunité =incompatibilité.

Detached Leaflet Test (A) : in a container, 1 to 2 leaflets per each of the 15 host genotypes are set in a humid chamber, and inoculated on the abaxial face. 24 hours after inoculation, inoculated leaves are turn over. (B) Host-parasite relationship is rather easy to identify, lesion means compatibility, necrotic cells or hypersensitive reaction are scored as incompatibility.



- Vis-à-vis de la gamme d'hôtes différentiels, R1 à R11, le comportement de l'ensemble des isolats est variable et, pour certains gènes, la réponse semble liée au génotype de l'isolat.

La grande majorité des isolats étudiés possède les gènes de virulence correspondant aux gènes de *S. demissum* historiquement contournés à ce jour, à savoir R1, R3, R4, R7, R10 et R11 et ce, quelle que soit la lignée clonale considérée.

En revanche, la nature de la relation 'hôte-pathogène' observée sur les clones porteurs des gènes R2, R5, R8 et R9 semble bien être liée au génotype des isolats. Le tableau 1 recense les effectifs observés (en %) pour chaque couple Ri x génotype. La réponse du gène R2 vis-à-vis d'isolats représentant les 2 lignées clonales est très contrastée, seuls 2 % d'isolats de la lignée EU_6_A1 peuvent contourner ce gène contre 75 % de la lignée EU_13_A2. La même tendance est observée pour le gène R5. Le gène R9 garde encore son intérêt dans la lutte contre la maladie sur le terrain, puisqu'il est peu contourné par les populations actuelles de *P. infestans*. La réponse par rapport au gène R8 est intéressante puisque l'on peut considérer qu'il est encore efficace à 60-65 % par rapport aux populations de *P. infestans* actuellement présentes sur le territoire.

Tableau I : Nombre d'isolats (%) de *P. infestans*, représentant les deux principales lignées clonales en France et contournant des gènes majeurs de résistance spécifique.

Total number of *P. infestans* isolates (%), representing the two most prevalent clonal lineages in France and overcoming some of the specific major resistance genes

Lignée Clonale	Effectifs	Contournement des gènes de résistance (%)			
		R 2	R 5	R 9	R 8
EU_6_A1	25	20	4	0	36
EU_13_A2	20	75	50	15	35

Enfin, les données déjà acquises dans d'autres travaux (Cooke *et al*, 2012 , Corbière et Chatot, 2014) sont confirmées avec ce jeu de résultats quant à la plus grande complexité, en moyenne, en gènes de virulence de la lignée clonale EU_13_A2 par rapport à EU_6_A1 : 8,2 gènes contournés en moyenne par la lignée EU_13_A2 contre 6, 8 pour la lignée clonale EU_6_A1.

DISCUSSION & CONCLUSIONS

L'extension de la démarche européenne, initiée par le groupe de travail Euroblight en matière d'épidémiologie-surveillance de *P. infestans*, pour le suivi des populations françaises a pu être mise en place grâce à la mobilisation de tous les acteurs de la filière Pomme de terre avec leurs compétences respectives. Elle s'est poursuivie en 2015 et le génotypage des isolats français est en cours de réalisation par l'UMR IGEPP (Inra-Le Rheu). Au delà de la démonstration de la faisabilité et de l'intérêt d'une telle action à l'échelle nationale, ces résultats préliminaires apportent une connaissance plus globale sur la problématique Mildiou et les moyens adéquats pour s'en protéger.

En France ainsi que dans le grand nord-ouest de l'Europe, les populations sont toujours essentiellement clonales, issues d'une propagation d'une saison à l'autre au travers du maintien sur l'hôte. Là est toute la puissance de l'outil de génotypage à grande échelle, avec une même méthodologie : la comparaison des structures génétiques des populations de l'Ouest avec celles du Nord de l'Europe ne laisse plus place au doute. A ce jour, il n'y a donc pas de trace de production d'oospores (organe persistant dans le sol) bien qu'il y ait la présence concomitante de souches de types sexuels compatibles dans une même région, voire sur une même plante. Dans ce cas, la gestion prophylactique des sources d'inoculum primaire (tas de déchets, repousses) demeure primordiale pour retarder et limiter l'intensité des épidémies (Rakotonindrina *et al*, 2012b).

A partir de l'étude d'un des caractères phénotypiques, le profil de virulence, l'objectif initial était d'estimer s'il existait une liaison entre le génotype et les traits de vie. Deux lignées clonales ont été étudiées au travers d'une vingtaine d'isolats par lignée, les isolats ayant un profil génétique du type EU_13_A2 contournent, en moyenne, 1,4 gène de résistance supplémentaire comparativement aux isolats de type EU_6_A1, cet critère n'étant toutefois pas nécessaire et suffisant pour engendrer davantage de dégâts en culture. En corollaire, il est à noter que les gènes de résistance R5, R8 et R9, issus de *S. demissum*, rencontrent peu ou pas et de façon aléatoire, les gènes de virulence dans les populations contemporaines européennes (Hannukkala, 2012), ces gènes de résistance spécifique restent donc des candidats potentiels pour l'amélioration génétique. De plus, les améliorateurs disposent maintenant d'autres sources de résistance, issues d'espèces apparentées de la pomme de terre (autres gènes R de résistance spécifique et QTL de résistance quantitative). Dans un souci d'harmonisation des méthodologies utilisées en Europe pour l'étude de ce trait de vie, il serait

intéressant de pouvoir utiliser la ‘nouvelle’ gamme d’hôtes, complétée par des clones de la variété Désirée transformés génétiquement) (Zhu *et al*, 2015).

Parmi les autres traits de vie, la résistance de *P. infestans* aux matières actives fongicides est un critère important, eu égard à l’IFT fongicide élevé sur la culture. Le développement de résistance de *P. infestans* à la pression phytosanitaire est très peu documenté (à l’exception d’une matière active très peu utilisée maintenant en France, le métalaxyl), tant en références bibliographiques qu’en méthodologies d’échantillonnage et/ou d’évaluation individuelle, adaptées. Un travail de prospection et d’étude de faisabilité sur ce point précis est en cours ; il servira la filière française au moment opportun puisque le portfolio des matières anti-mildiou à disposition de l’agriculteur risque de subir, dans un futur proche, des modifications qualitatives (réduction du nombre d’application de fongicides multi-sites) et quantitatives (réduction du nombre de matières actives et longs délais d’homologation).

Pour conclure, une telle démarche en parfaite cohérence avec la directive 2009/128/CE et sa traduction française Plan Ecophyto (Julien, 2013) doit être pérennisée et améliorée afin d’encourager le producteur de pommes de terre à exploiter, avec confiance, tous les leviers à sa disposition pour mener une protection intégrée optimale de la culture, sachant que les conditions climatiques de l’année restent LE facteur essentiel conditionnant la sévérité des épidémies.

REMERCIEMENTS

Ce programme exhaustif d’épidémio-surveillance du mildiou sur cultures de pommes de terre ne peut s’envisager sans la collaboration active de tous les partenaires institutionnels (DGAL, Chambres d’Agriculture et FREDONs) et professionnels (techniques et scientifiques) présents sur le terrain et ce, quelles que soient les familles professionnelles (Arvalis-Institut du Végétal, Chambres d’Agriculture et Fédération des Producteurs de Plants de Pommes de terre) ; qu’ils soient ici vivement remerciés collectivement pour leur contribution.

BIBLIOGRAPHIE

www.euroblight.net

Andrison D., 1994. Race structure and dynamics in populations of *Phytophthora infestans*. *Canadian Journal of Botany* 72 : 1681-1687.

Anonyme 2011. Varietal resistance to new dominant genotype of *Phytophthora infestans* in Great Britain (GB). Sasa – SCRI – Sarvari – Sac, 2011.

Chatot C., Andrison D., Gaucher R., Corbière R., 2015. Epidémio-surveillance du mildiou de la pomme de terre en France : enjeux actuels et acquis récents. 9^{ème} Colloque de la Société Française de Phytopathologie, Colmar, France, 2-5 juin 2015, p. 84.

Cohen Y., Reuveni M., 1983. Occurrence of metalaxyl-resistant isolates of *Phytophthora infestans* in potato fields in Israel. *Phytopathology*, 73, 925-927.

Colon L., Nielsen B.J., Darsow U., 2004. Eucablight protocol : Detached leaflet for foliage blight resistance ; <http://www.eucablight.org/EucaBlight.asp>

Cooke D.E.L., Cano L.M., Raffaele S. *et al*, 2012. Genome analyses of an aggressive and invasive lineage of the Irish potato famine pathogen. *PLoS Pathogens*, 8, e1002940

Corbière R., Chatot C., 2014. Avec la protection intégrée, la surveillance des populations de mildiou s’impose. *Potato Planet*, 47, 38-43.

Fry W.E., Goodwin S.B., Dyer A.T. *et al*, 1993 - Historical and recent migrations of *Phytophthora infestans* : chronology, pathways, and implications. *Plant Disease* 77, 653-661

Gisi U., Cohen Y., 1996. Resistance to phenylamide fungicides : a case study with *Phytophthora infestans* involving mating type and race structure. *Annual Review of Phytopathology*, 34: 549-572.

Hannukkala A.O., 2012. History and consequences of migrations, changes in epidemiology and population structure of potato late blight, *Phytophthora infestans*, in Finland from 1845 to 2011. *University of Helsinki, Finland – Doctoral Dissertation*, 136p.

Jullien J., 2013. L'épidémiosurveillance, indispensable à la protection intégrée des cultures. *Phytoma*, 663, 26-30.

Lees A.K., Wattier R., Shaw D.S., Sullivan L., Williams N.A., Cooke D.E.L., 2006. Novel microsatellite markers for the analysis of *Phytophthora infestans* populations. *Plant Pathology*, 55, 311–319.

Li Y., van der Lee T.A.J., Evenhuis A., van den Bosch G.B.M., van Bekkum P.J., Forch M.G., van Gent-Pelzer M.P.E., van Raaij H.M.G., Jacobsen E., Huang S.W., Govers F., Vleeshouwers V.G.A.A., Kessel G.J.T., 2012. Population dynamics of *Phytophthora infestans* in the Netherlands reveals expansion and spread of dominant clonal lineages and virulence in sexual offspring. *G3-GENES GENOMES GENETICS*, 2 (12) : 1529-1540 ; 10.1534/g3.112.004150.

Mariette N., Mabon R., Corbière R., Boulard F., Glais I., Marquer B., Pasco C., Montarry J., Andrivon D., 2015. Phenotypic and genotypic changes in French populations of *Phytophthora infestans* : are invasive clones the most aggressive ? *Plant Pathology* (sous presse). Published online : 1 Sept. 2015. DOI: 10.1111/ppa.12441

Montarry J., Andrivon D., Glais I., Corbière R., Mialdea G., Delmotte F., 2010. Microsatellite markers reveal two admixed genetic groups and an ongoing displacement within the French population of the invasive plant pathogen *Phytophthora infestans*. *Molecular Ecology* 19: 1965-1977.

Nowicki M., Foolad M.R., Nowakowska M., Kozik E., 2012. Potato and Tomato Late Blight Caused by *Phytophthora infestans*: An overview of pathology and resistance breeding. *Plant Disease* 96 : 4-17

Rakotonindraina T., Corbière R., Chatot C., Pinchon V., Dubois L., Aurousseau F., Chauvin J.-E., Aubertot J.-N., 2012. Analysis of volunteer density under the influence of cropping practices: a contribution to the modelling of primary inoculum of *Phytophthora infestans* in potato crops. In: *Proceedings of the 13th Euroblight Workshop*, St Petersburg, Russia, 9-12 October 2011, PPO-Special Report no15, H.T.A.M. Schepers (editor), 67-73.

Rakotonindraina, T., Chauvin, J.-E., Pellé, R., Faivre, R., Chatot, C., Savary, S., Aubertot, J.-N., 2012b. Modeling of yield losses caused by potato late blight on eight cultivars with different levels of resistance to *Phytophthora infestans*. *Plant Disease* 96 : 935-942.

Vleeshouwers V.G.A.A., Raffaele S., Vossen J.H., Champouret N., Oliva R., Segretin M.E., Rietman H., Cano L.M., Lokossou A., Kessel G., Pel A.M., Kamoun S., 2011. Understanding and exploiting late blight resistance in the age of effectors. *Annual Review of Phytopathology*, 49 : 507-531.

Zhu S., Vossen J.H., Bergervoet M., Nijenhuis M., Kodde L., Kessel G., Vleeshouwers V., Visser R., Jacobsen E., 2015. An updated conventional and a novel GM potato late blight R gene differential set for virulence monitoring of *Phytophthora infestans*. *Euphytica*, 202 : 219-234.