

Evolution spatio-temporelle inter- et intraspécifique de la rouille du peuplier: retour sur l'enquête DSF 2024

Kadiatou Schiffer-Forsyth

Jérémy Pétrowski, Ammar Abdalrahem, Axelle Andrieux, Agathe Surat, Thomas Tempestini, Claude Husson, Fabien Halkett et Pascal Frey



iNTERACTIONS
ARBRES-MICROORGANISMES



UNIVERSITÉ
DE LORRAINE

INRAE



UNIVERSITÉ
TOULOUSE III
PAUL SABATIER



UNIVERSITÉ
PERPIGNAN
VIA
DOMITIA



ARTEMIS

Un cycle biologique hétéroïque et macrocyclique

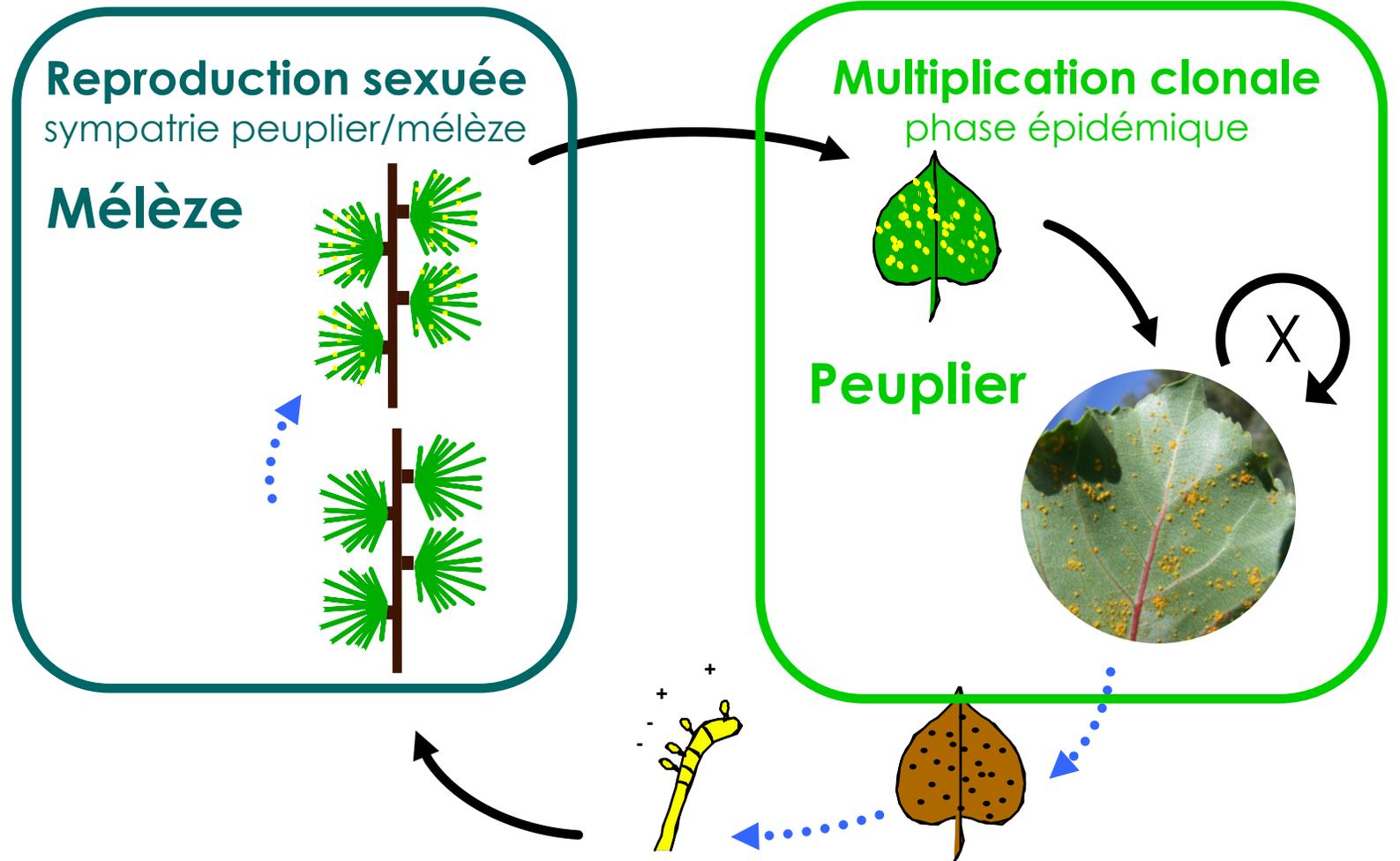
Phylum : *Basidiomycotina*
Ordre : *Pucciniales*
Genre : *Melampsora*

Trois espèces de *Melampsora*
infectent le peuplier cultivé en
France:

M. larici-populina

M. allii-populina

M. medusae f. sp. *deltoidae*



Cycle de vie typique de *Melampsora larici-populina*

Objectifs de l'étude

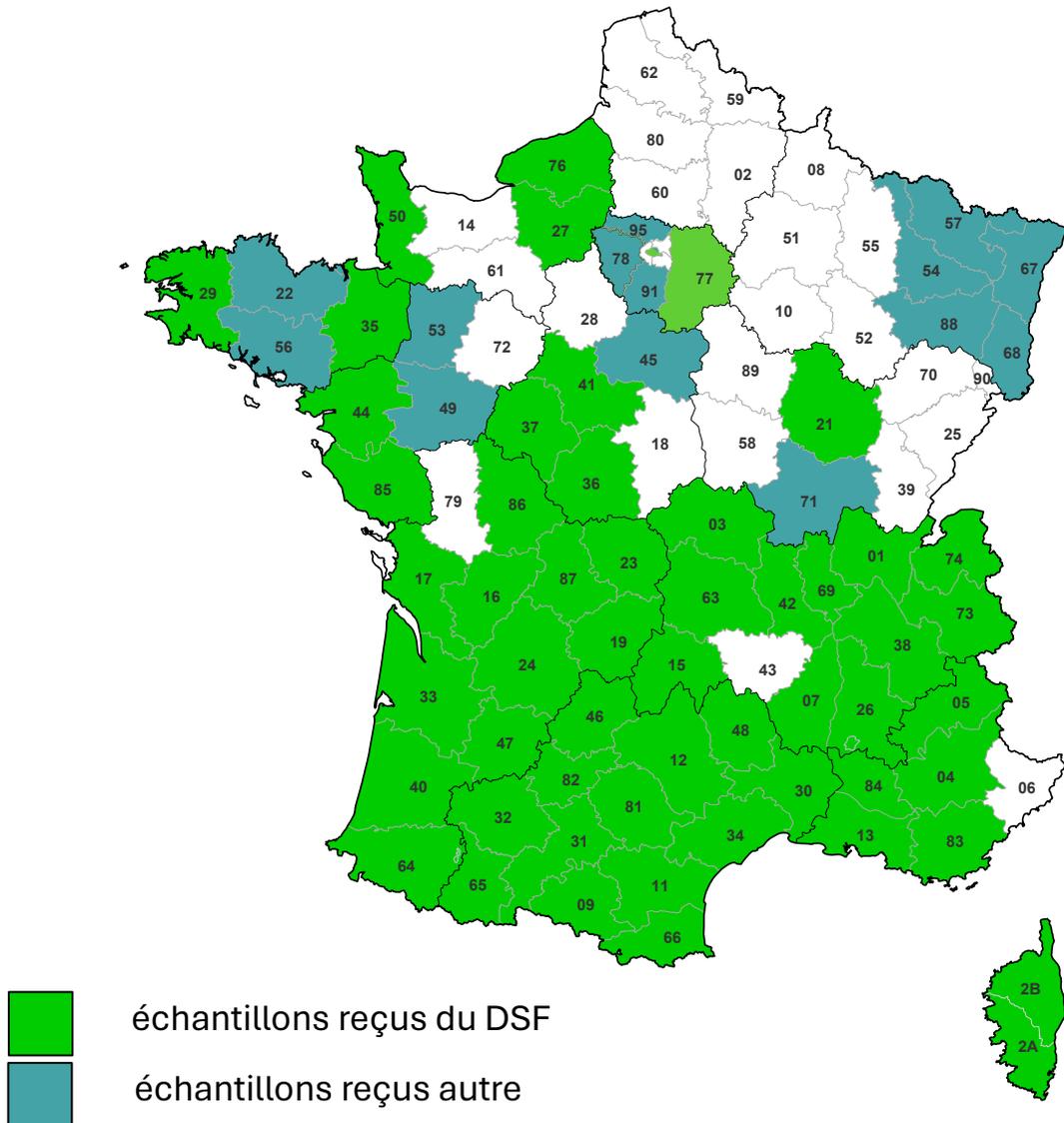
Documenter l'évolution de la structure génétique de la population de rouille du peuplier en France, avec des données issues d'échantillonnages de 2009, 2011 et 2024 :

- (1) la répartition des espèces *M. larici-populina*, *M. allii-populina*, and *M. medusae* f. sp. *deltoidae*
- (2) la répartition des profils de virulence de *M. larici-populina*
- (3) la structuration génétique de la population de *M. larici-populina* :
 - (a) distribution des lignées sexuées et asexuées
 - (b) distribution des groupes génétiques

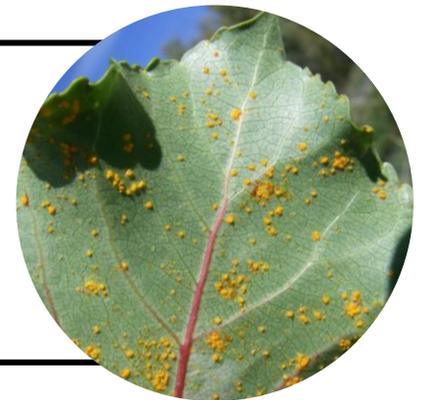


L'enquête 'DSF 2024' sur la rouille du peuplier

- Participation du DSF pour l'échantillonnage
- Septembre-Novembre 2024
- Un site par département : 66 sites échantillonnés



1 échantillon = 100 feuilles infectées collectées sur peuplement de 10 peupliers noirs ou d'Italie

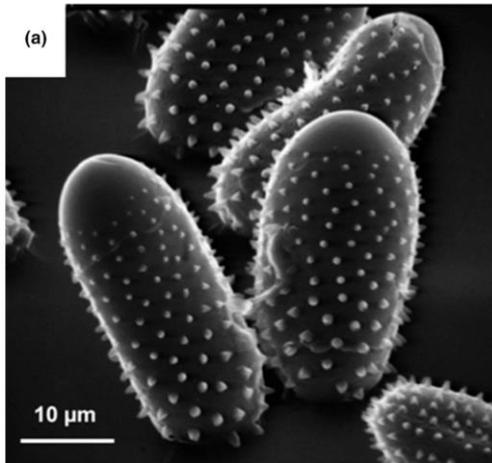


Répartition des trois espèces

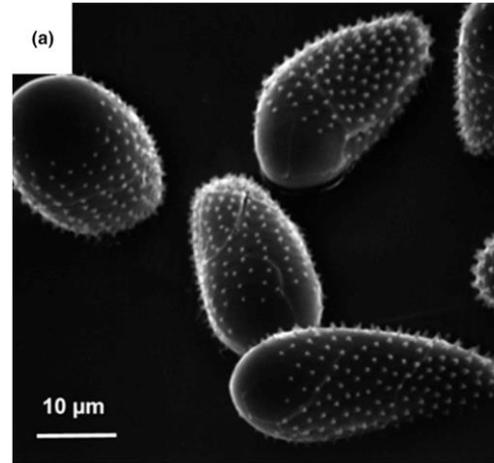


Hôte
télien

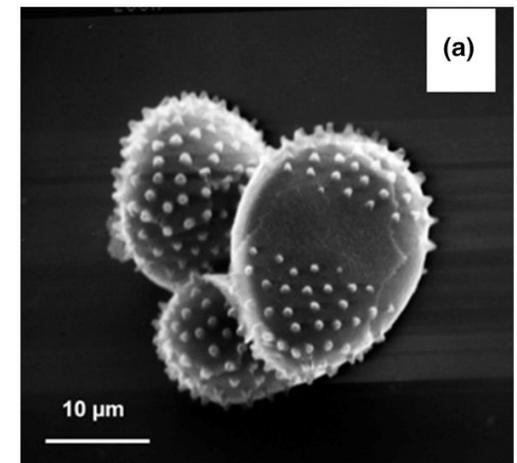
M. larici-populina (Mlp)



M. allii-populina (Map)



M. medusae f. sp. *deltoidae* (Mmd)



Hôtes
écidien

Larix spp.

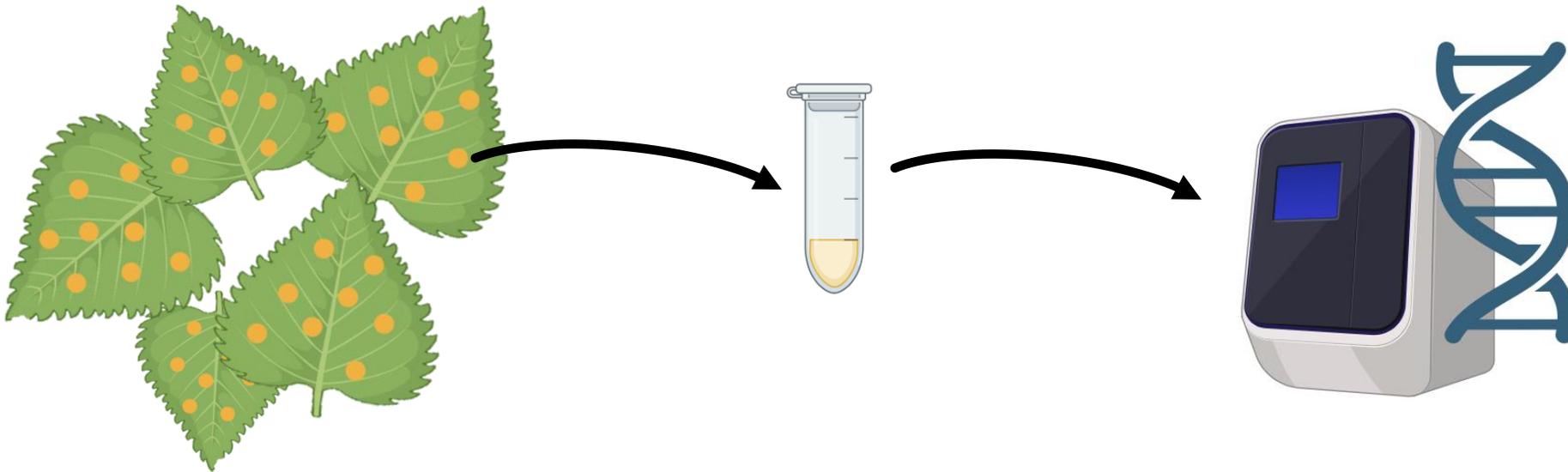


Allium spp.
Muscari spp.
Arum spp.

Larix spp.
Pinus spp.
Pseudotsuga menziesii

Répartition des trois espèces

Détection et identification des espèces avec PCR quantitative

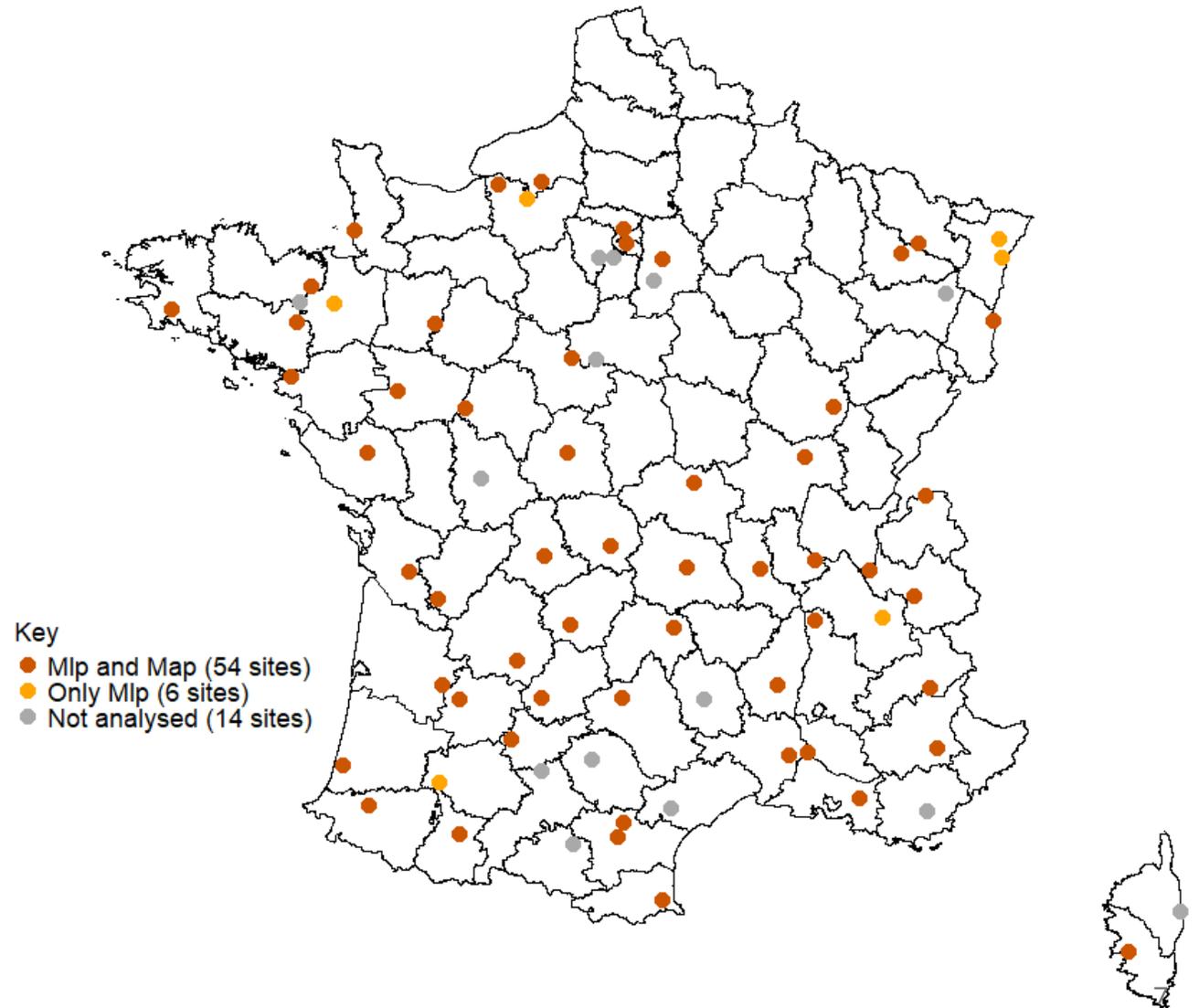


Amorces de PCR espèce-spécifique de Boutigny et al. 2013 et Maupetit et al. 2018

Répartition des trois espèces

- Pas de *Mmd* détecté
- Présence conjointe de *Mlp* et *Map* presque partout (54 sites sur 60)

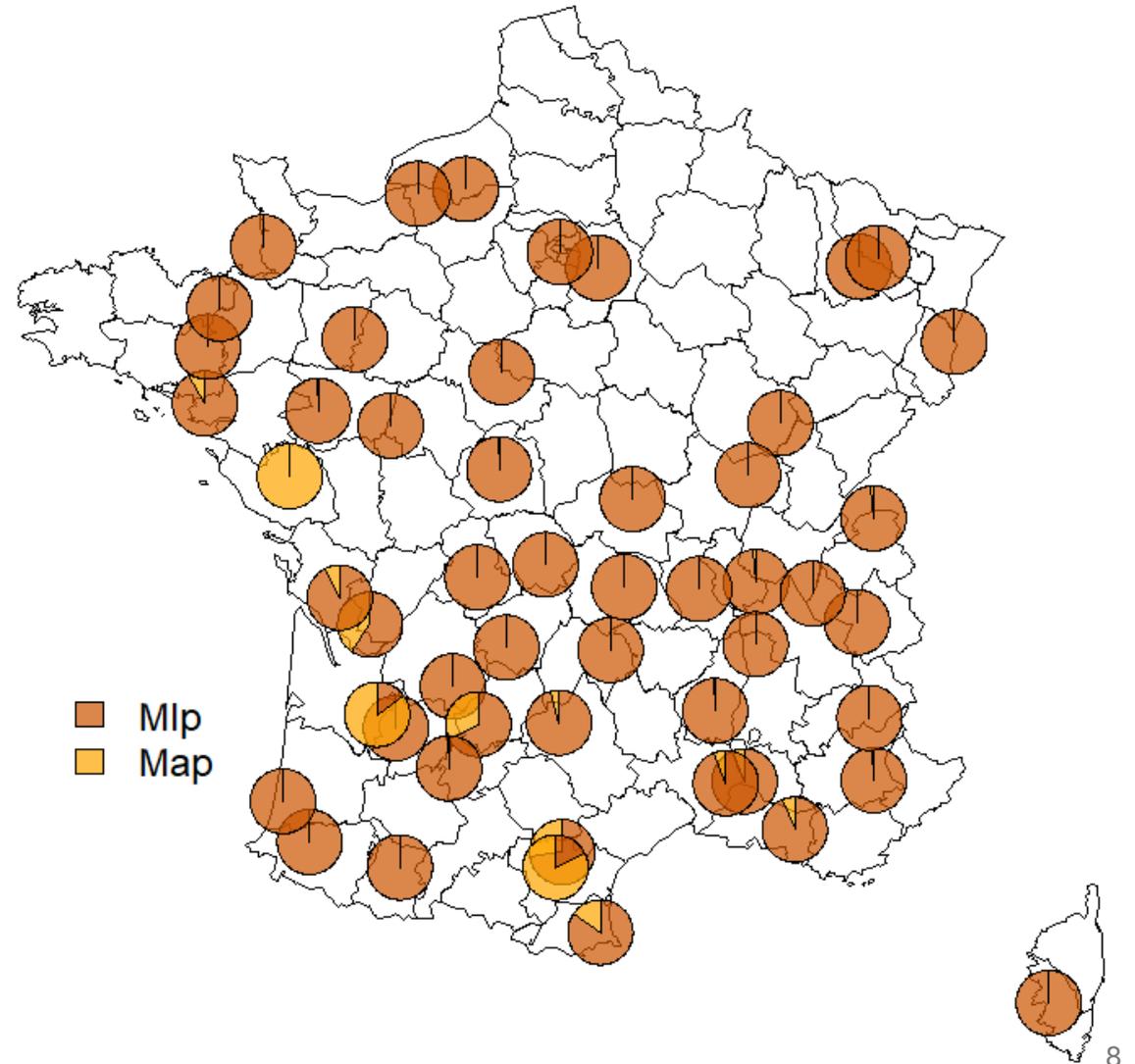
Présence/absence de *M. larici-populina* et *M. allii-populina* sur 60 sites (2024)



Co-existence de *Mlp* et *Map*

- Présence majoritaire de *Mlp* là où les deux espèces co-existent
- *Map* minoritaire mais présent partout en France

Abondances relatives de spores de *Mlp* et *Map* sur 54 sites où les deux espèces co-existent, basé sur valeurs de Ct de qPCR (2024)



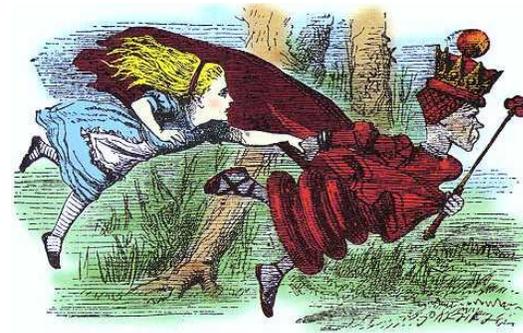
Melampsora larici-populina



Cultivar
sensible

Cultivar
résistant

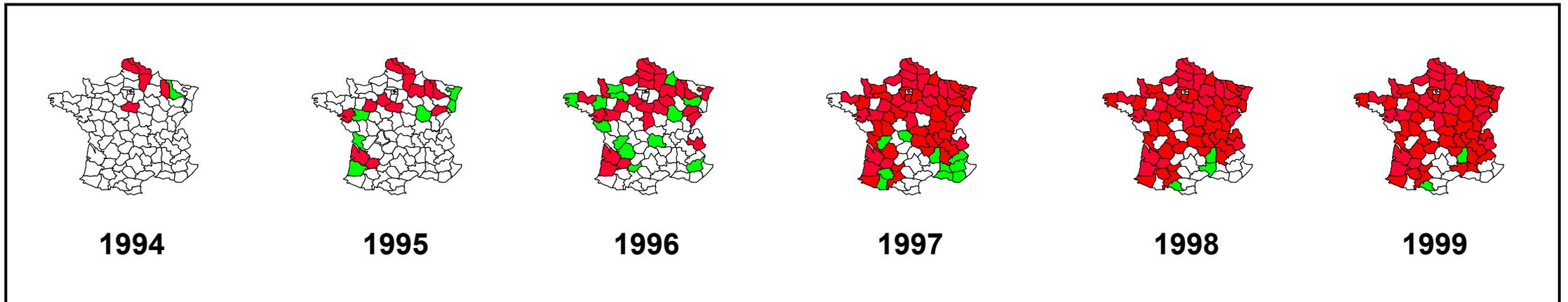
- Principal pathogène du peuplier cultivé pouvant entraîner **30-60% de perte de rendement**
- Cultivars complètement résistants (résistance qualitative) étaient un moyen de lutte très efficace
- Mais contournement de ces résistances => émergence de nouvelles virulences



Hypothèse de la reine rouge
de Leigh Van Valen, 1973

Contournement de la résistance RMlp7

- Contournement en 1994 entraînant de fortes épidémies de rouille
- Résistance RMlp7 présente dans le cultivar très répandu 'Beaupré'
- Les isolats Vir7 de *Mlp* se sont rapidement multipliés à travers tout le territoire



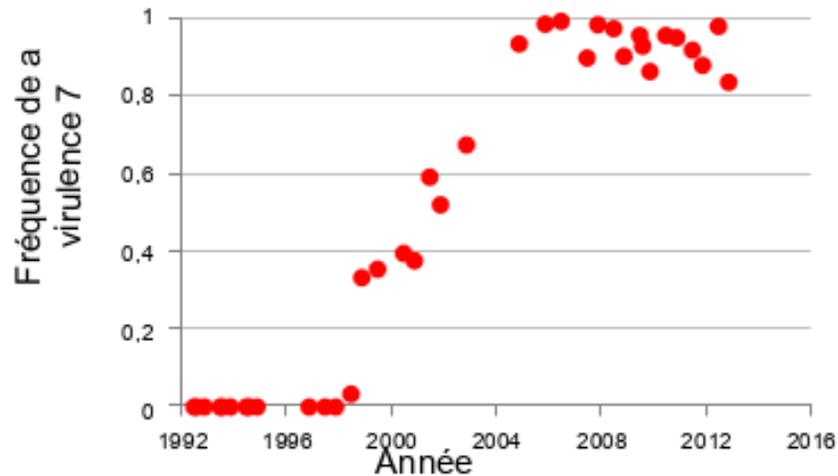
■ Vir7 détecté ■ Pas de Vir7 détecté □ Non prospecté

Persoons et al., 2017

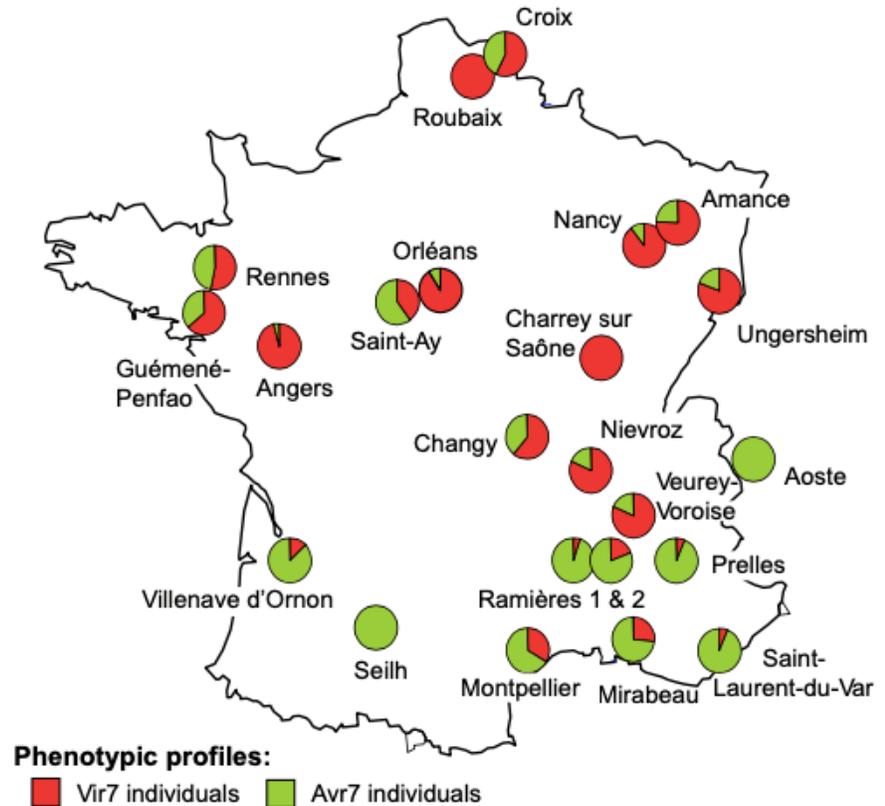
Conséquences du contournement 15 ans plus tard

Enquête en 2009 sur 23 sites :

- Vir7 plus répandue au Nord de la France
- Distribution largement influencée par le paysage popuicole



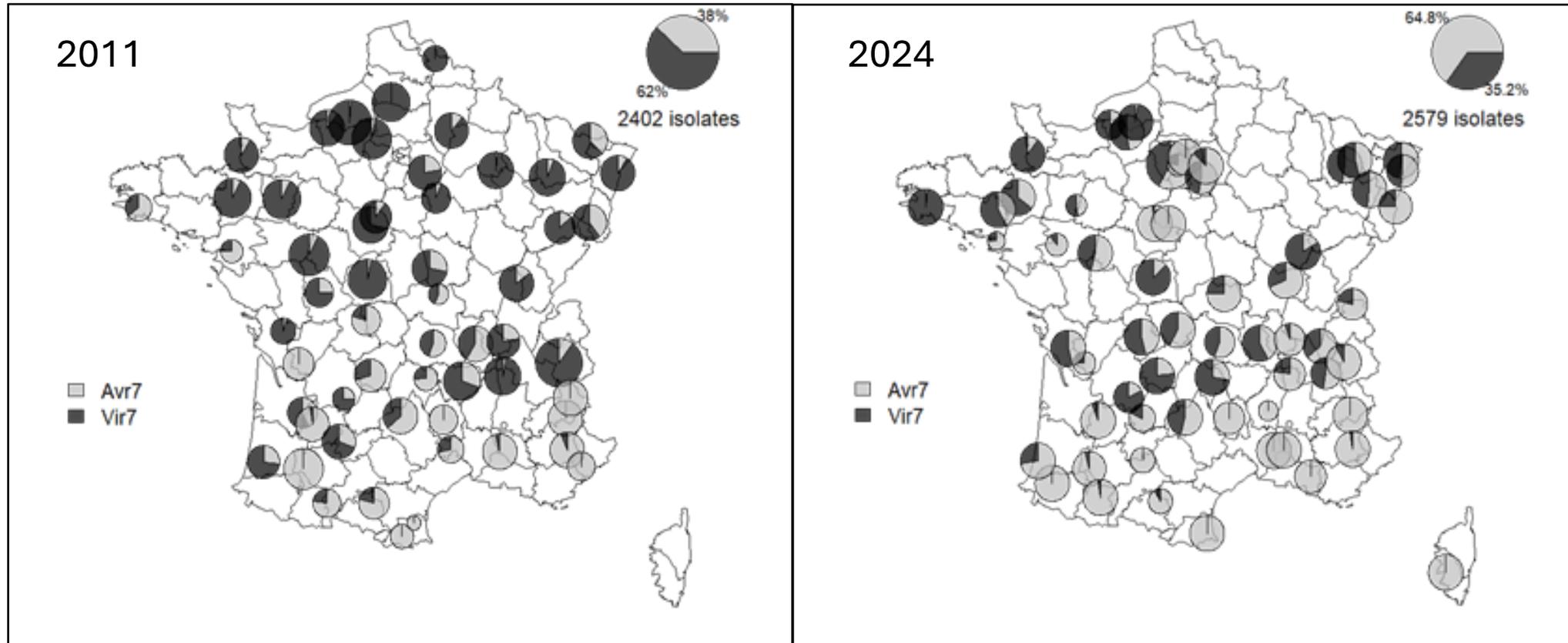
Evolution de la fréquence de la Vir7 au cours des années à Champenoux



Distribution de la Vir7 en 2009
Xhaard et al., 2011, Molecular Ecology

Répartition de la virulence 7 en 2011 et 2024

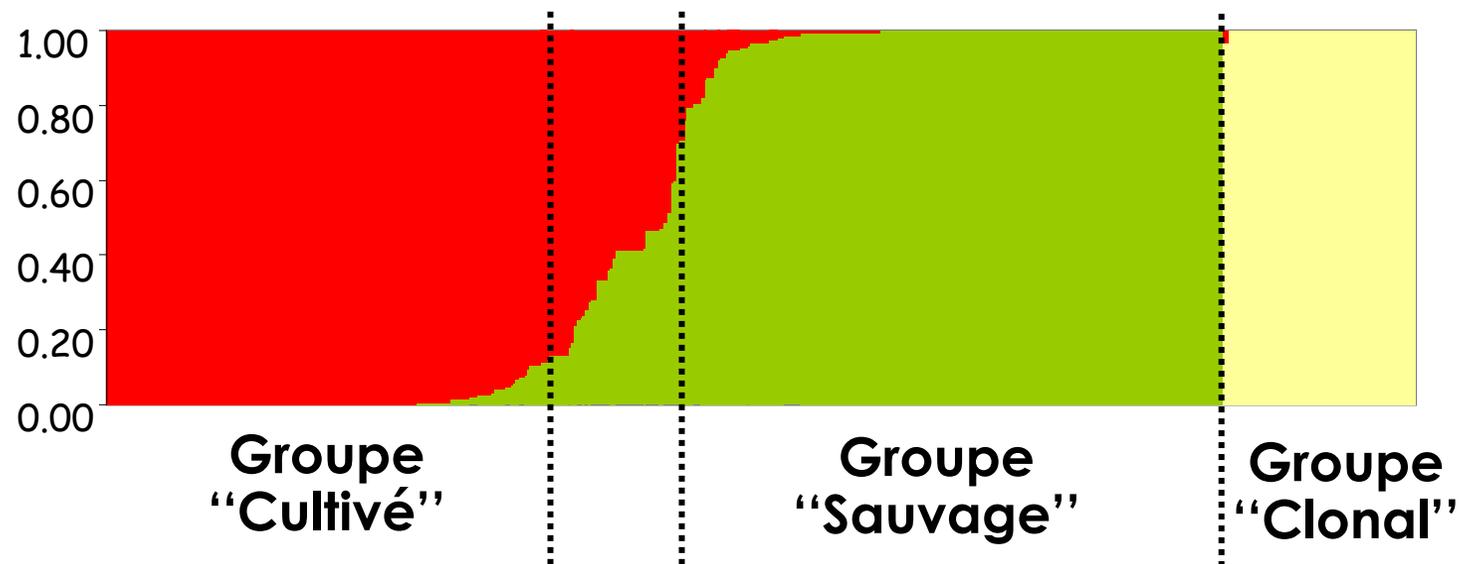
- 62% des isolats porteurs de Vir7 en 2011 et seulement 35% en 2024
- Erosion de la tendance Nord-Sud



Structure génétique des populations de *Mlp*

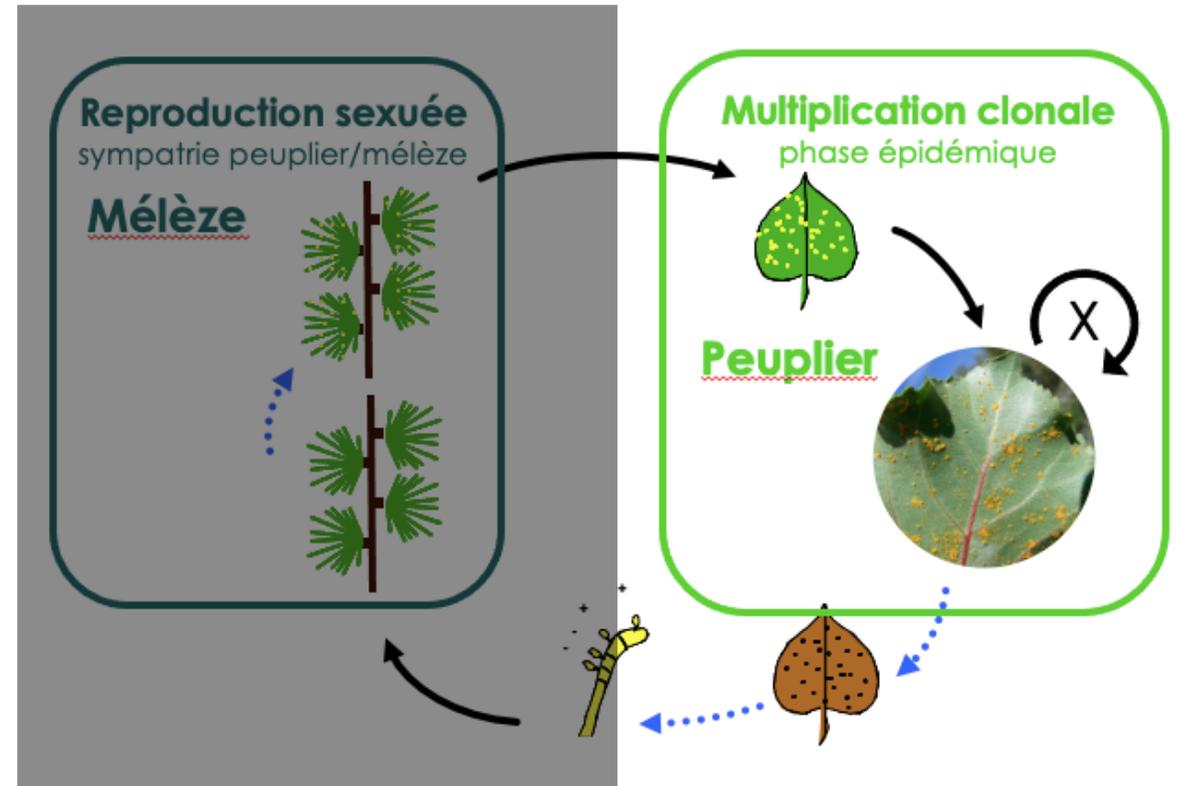
- Basé sur le génotypage à l'aide de 26 marqueurs microsatellites
- Méthode: STRUCTURE, ou Analyse discriminante de composantes principales (DAPC), Package **adegenet** par Jombart et al. (2010)

→ **Connaissance historique de trois groupes distincts dans l'échantillonnage de 2009 (Xhaard et al., 2011)**

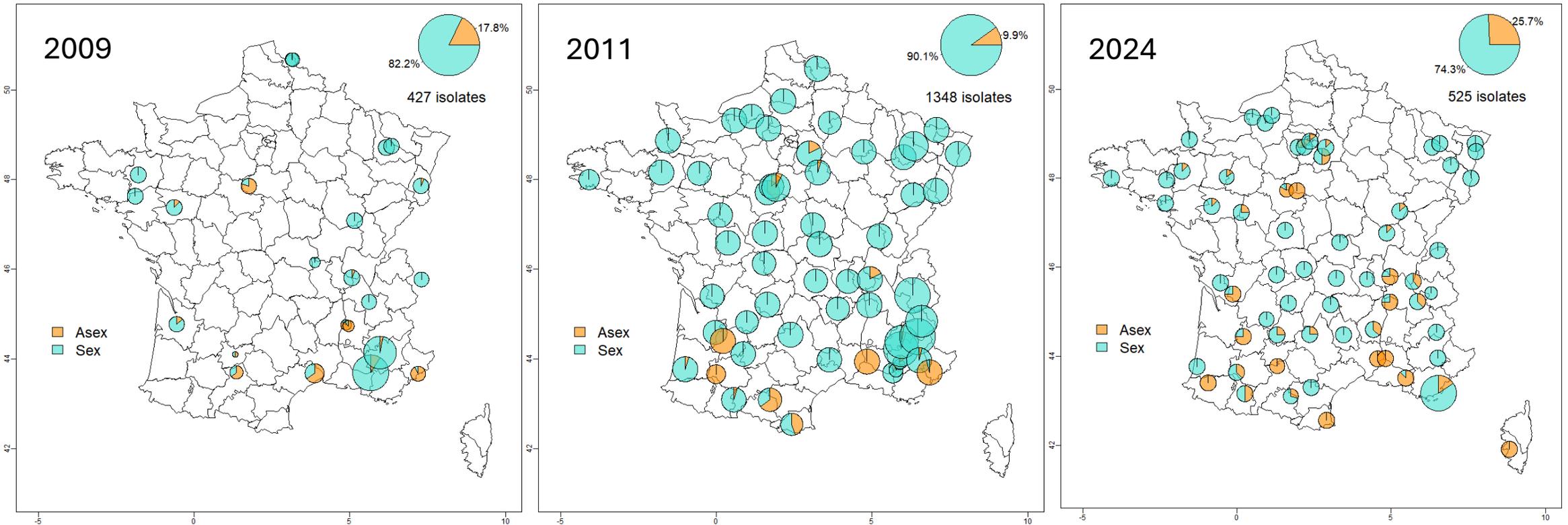


Le groupe asexué

- Existence de lignées asexuées qui ne passent pas par le mélèze, donc pas de brassage génétique
- Signature génétique de ce groupe très marquante
- Les mêmes génotypes peuvent être retrouvés sur plusieurs années et dans des régions différentes



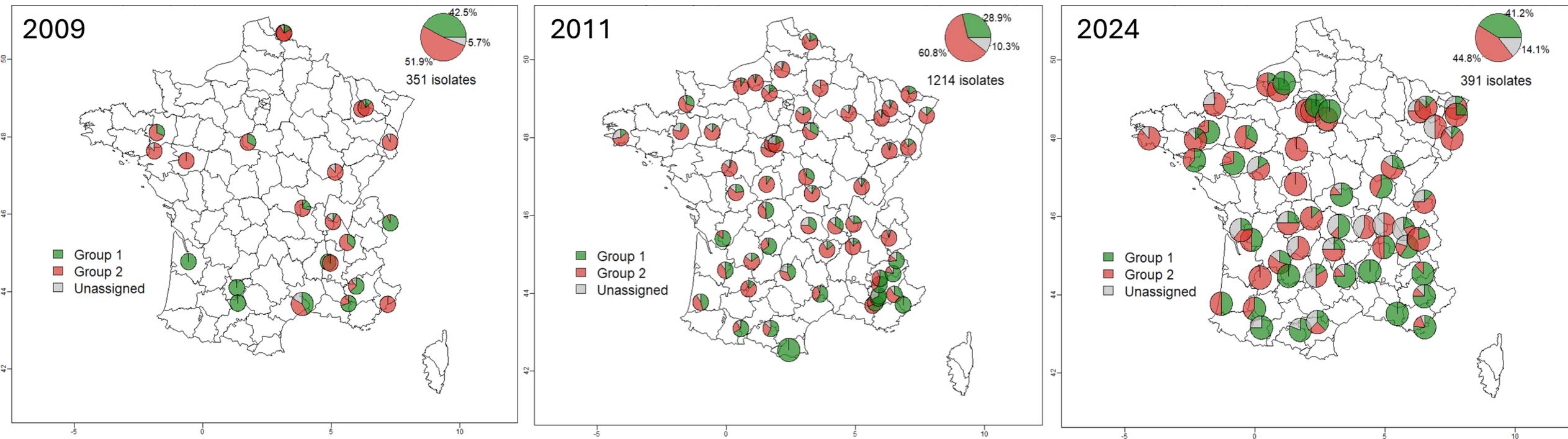
Répartition des groupes sexué et asexué



- La proportion d'isolats asexués varie année par année
- Les isolats asexués sont significativement plus fréquents dans le Sud
- Les hivers doux au Sud pourraient favoriser la survie asexuée

Répartition des groupes 'cultivé' et 'sauvage'

- Groupe cultivé toujours plus présent au Nord
- La proportion d'isolats non assignés (en gris) augmente au cours du temps



 Groupe cultivé  Groupe sauvage

Résumé des résultats

(I) Distribution des espèces *M. larici-populina*, *M. allii-populina*, and *M. medusae* f. sp. *deltoidae*

→ ***Mmd* pas détecté, *Mlp* majoritaire et *Map* présent à travers le territoire mais souvent minoritaire**

(II) Distribution des profils de virulence de *M. larici-populina*, en particulier de la Vir7

→ **Diminution de la fréquence de Vir7 entre 2011 et 2024, mais répartition géographique conservée**

(III) Structuration génétique de la population de *M. larici-populina*:

→ **La limite entre les groupes génétiques cultivé et sauvage s'estompe**

→ **Le groupe asexué est plus fréquent au Sud**



Merci de votre attention!



... et merci à l'Unité Interactions Arbres-Microorganismes pour l'accueil et l'encadrement, et au Département de la Santé des Forêts pour l'échantillonnage de rouille du peuplier en 2024.



INRAE



