

EVALUATION AU CHAMP DE LA RESISTANCE DE LA POMME DE TERRE AU MILDIOU DU FEUILLAGE

Roland Pellé¹, Michel Bozec¹, Didier Andrivon², Jacques Soyer³, Daniel Ellissèche¹

Le mildiou, dont l'agent pathogène est l'oomycète *Phytophthora infestans*, reste la maladie la plus grave à l'échelon mondial subie par les cultures de pomme de terre : elle se traduit par une destruction plus ou moins rapide des feuilles et des tiges, diminuant ainsi les potentialités de rendement des plantes, et elle peut également provoquer le pourrissement des tubercules, altérant ainsi la récolte en quantité et en qualité.

Il est donc important de pouvoir évaluer le degré et le type de résistance des génotypes de pomme de terre, que ce soit dans le cadre d'un programme d'amélioration génétique de cette résistance ou dans celui de l'expérimentation officielle des variétés candidates à l'inscription au Catalogue Français des Espèces et Variétés. Cette information peut être utilement exploitée dans les systèmes d'aide à la décision relatifs aux traitements phytosanitaires.

Il existe 2 types de résistance au mildiou chez la pomme de terre. La résistance spécifique, due à des gènes d'hypersensibilité, est totale jusqu'à ce que le génotype résistant soit confronté à une souche du parasite possédant les gènes de virulence correspondants : la résistance est alors surmontée. La résistance partielle, en fonction de son niveau, permet à la plante de s'opposer plus ou moins efficacement aux processus de développement de l'épidémie (Ellissèche *et al.*, 1999).

L'évaluation au champ de la résistance des génotypes de pomme de terre au mildiou du feuillage peut être réalisée en conditions de contamination naturelle (particulièrement en climat océanique, très favorable au développement de la maladie) ou à l'aide d'une contamination artificielle. C'est le test en conditions de contamination naturelle qui est décrit ici.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. Matériel végétal

Le matériel végétal nécessaire comprend :

- Les génotypes et/ou les variétés à tester;
- Des variétés témoins représentatives des différents types et niveaux de résistance et appartenant à différents groupes de maturité (le groupe de maturité est à prendre en considération dans l'évaluation de la résistance : un génotype tardif a davantage de potentialité qu'un génotype précoce à reconstituer son feuillage après destruction par le parasite);
- Des hôtes différentiels ne possédant pas (r) ou possédant un ou plusieurs des 11 gènes (R1 à R11) d'hypersensibilité déjà répertoriés ;
- 1 variété sensible (Bintje) qui sert à propager la maladie.

Les tubercules de tous ces génotypes auront été conservés et préparés de la même façon avant plantation (p. ex. : conservation hivernale à +2, +4°C suivie d'une pré-germination d'environ

¹ INRA, UMR INRA-Agrocampus Rennes APBV, Keraiber, F-29260 Ploudaniel, France

² INRA, UMR INRA-Agrocampus Rennes BiO3P, BP 35327, F-35653 Le Rheu Cedex, France

³ GEVES, La Minière, F – 78285 Guyancourt Cedex, France

quatre semaines) afin de ne pas introduire un biais expérimental qui serait dû à une hétérogénéité de levée des plantes d'un génotype à l'autre.

1.2. Equipement d'irrigation

L'irrigation, apportée en fonction des conditions climatiques, permet de maintenir dans l'essai un microclimat humide, favorable au développement de l'épidémie. L'équipement se compose d'un réseau de sprinklers sur cannes de 1m de hauteur espacés de 12 m au carré. (photo 1).

1.3. Dispositif expérimental

Le principe du dispositif expérimental est de mailler le terrain à l'aide d'une variété sensible (par exemple Bintje) qui sera contaminée tôt en saison et capable ensuite de multiplier et de propager l'inoculum. Des témoins de comportement connu, représentatifs de différents niveaux et types de résistance sont répartis dans ce dispositif ainsi que des hôtes différentiels possédant chacun un ou plusieurs gènes d'hypersensibilité (Voir figure 1). Chaque parcelle de génotype à tester ou de génotype témoin est au contact d'une parcelle de Bintje. Le nombre de répétitions est au moins de 2. L'expérience prouve que l'effectif d'une parcelle élémentaire peut être réduit à 2 plantes mais que 4 plantes (2 rangs de 2 plantes) ou 5 plantes (1 rang) rendent les notations plus aisées.

Dans ce dispositif général on peut intégrer les dispositifs expérimentaux classiques : blocs de Fisher, carré latin, alpha-plans ...

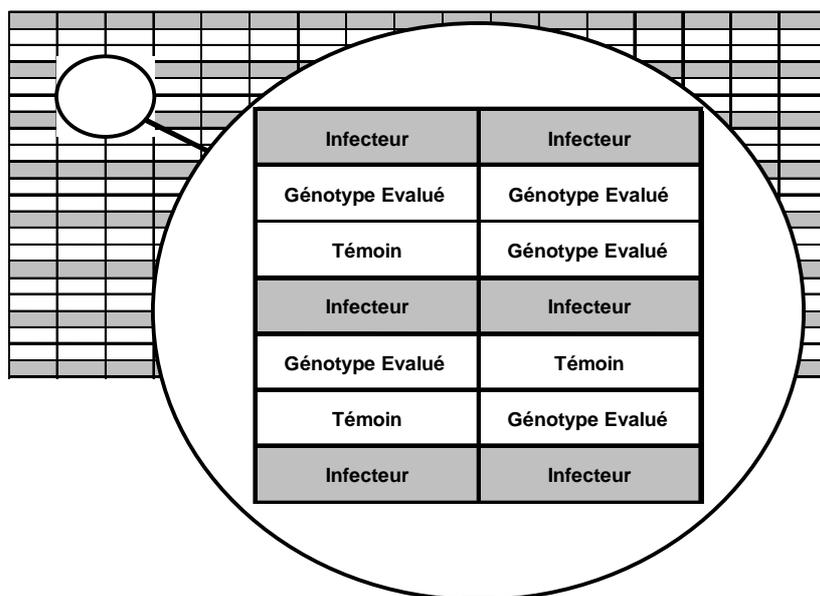


Figure 1 : Evaluation de la résistance au mildiou de la Pomme de Terre (*Phytophthora infestans*). Exemple de disposition sur le terrain.

1.4. Notation de la progression de la maladie sur les génotypes

Dès l'apparition de la première tâche foliaire, une notation hebdomadaire du degré de destruction du feuillage par le mildiou est réalisée. Plusieurs échelles de notation existent. L'échelle proposée ici repose sur l'évaluation visuelle du pourcentage de destruction du feuillage en s'en tenant aux valeurs : **0, 0.1, 1, 5, 10, 25, 50, 75, 90, 95 et 100%**.

Ces notations permettent de tracer point par point pour chaque génotype évalué une courbe de progression de la maladie (Disease Progress Curve ou DPC), avec en abscisse le temps exprimé en nombre de jours à partir de la date de plantation et en ordonnée le pourcentage de destruction du feuillage. (photo 2)

1.5. Définition et calcul des paramètres descriptifs de la résistance

Les équations des courbes de progression de la maladie (ou de destruction du feuillage) pour les différents génotypes sont du type $y_i = f(t)$, où y_i est le pourcentage de surface foliaire attaqué chez le génotype i et t le temps. Ces courbes sont généralement des sigmoïdes de forme plus ou moins dressée.

Les aires sous la courbe se calculent selon les formules suivantes :

$$\text{AUDPC} = \sum_{i=1}^n [(y_i + y_{i+n})/2] * [(t_i - t_{i+n})]$$

$$\text{AUDPCr (relative)}^4 = \text{AUDPC} / (100 * t_{\text{tot}})$$

Avec

y_i : % de destruction à l' $i^{\text{ème}}$ observation et y_{i+1} , % de destruction à l' $i^{\text{ème}}+1$ observation

t_i : date de l' $i^{\text{ème}}$ observation en jour après plantation et t_{i+1} , la date de l' $i^{\text{ème}}+1$ observation

t_{tot} : durée totale de la végétation.

Le changement des variables y_i en $Y_i = \text{Log} (y_i/1-y_i)$ permet d'obtenir à partir des équations des courbes de progression de la maladie des équations de droites $Y_i = a_i.t + b_i$. Il devient ainsi possible de calculer deux paramètres décrivant les relations entre les courbes des génotypes évalués et celles des variétés témoins (Ellissèche *et al.*, 1999).

$\Delta t = t_{0i} - t_{0t}$, où t_{0i} et t_{0t} sont les dates d'apparition des premiers symptômes visibles sur le génotype considéré et sur la variété utilisée comme témoin sensible respectivement;

$\Delta a = a_i - a_t$, où a_i et a_t sont les pentes des courbes de progression de la maladie transformées en droites pour le génotype considéré et pour la variété utilisée comme témoin sensible respectivement.

Les AUDPCr permettent de mesurer les différences entre niveaux de résistance des génotypes évalués et des témoins.

Δt et Δa permettent de préciser le type de résistance de chacun des génotypes évalués.

Δt est une mesure de la différence entre les dates d'attaque de chacun des génotypes évalués et du témoin sensible, qui caractérise une résistance spécifique (RS).

Δa est une mesure de la différence entre les vitesses d'évolution de l'épidémie sur chacun des génotypes évalués et sur le témoin sensible, qui caractérise une résistance non spécifique (RNS).

⁴ La transformation des AUDPC en AUDPCr permet de rendre les données normales (Fry, 1978)

A partir des valeurs de ces deux paramètres, les génotypes peuvent être caractérisés de la manière suivante :

Δt	Δa	Type de résistance présent chez le génotype
≤ 0	≤ 0	aucun (sensible)
> 0	≤ 0	résistance spécifique (RS)
≤ 0	< 0	résistance non-spécifique (RNS)
> 0	< 0	RS + RNS (or RS pas encore contournée)

2. RESULTATS ET INTERPRETATION

Les résultats présentés ici à titre d'exemple portent sur cinq variétés témoins dont le niveau et le type de résistance sont connus et deux génotypes en cours de sélection dont le niveau et le type de résistance ne sont pas connus (Figure 2 ; Tableau 1). Il s'agit des variétés et génotypes suivants (les gènes de résistance spécifique sont précisés) : Bintje (sensible), Maritta (R1), Arka (R1, R3), Pentland Dell (R1, R2, R3), Pimpernel (RNS), INRA 92T109.24 (inconnu) et INRA 92T120.16 (inconnu).

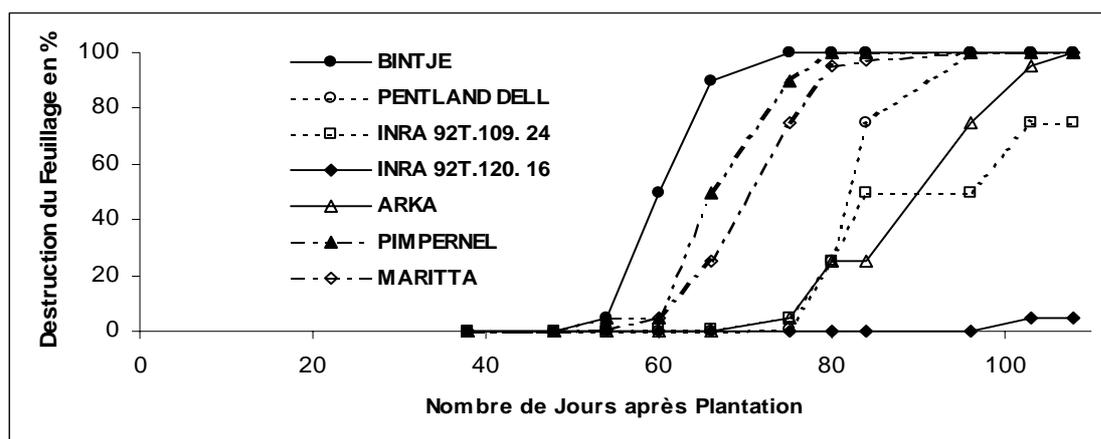


Figure 2 : Courbes de progression du mildiou (DPC) sur 7 génotypes.

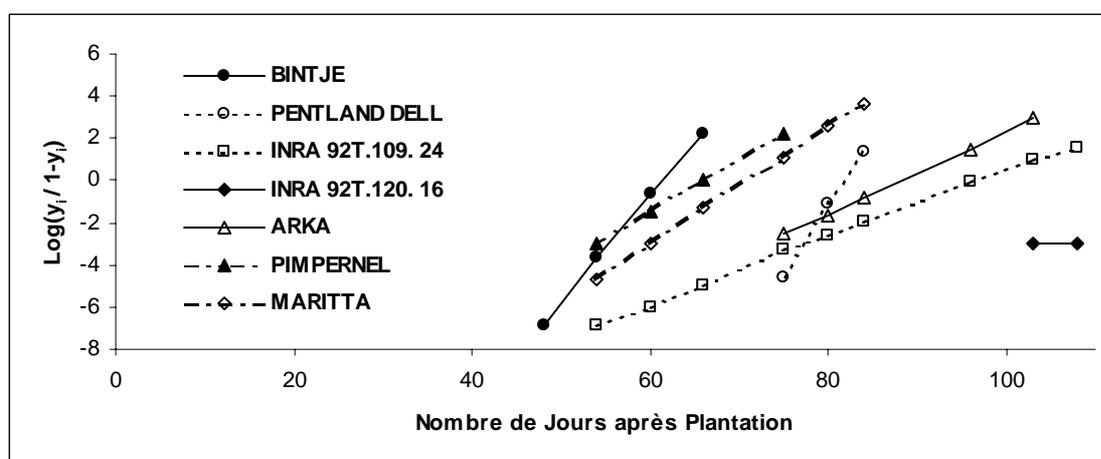


Figure 3 : DPCs des 7 génotypes transformées par $Y_i = \text{Log}(y_i/1-y_i)$

Génotype	AUDPCr	Δt	Δa	Type de Résistance
BINTJE	0.44	0	0	S
PENTLAND DELL	0.23	28	0.13	RS
INRA 92T.109. 24	0.16	10	-0.36	RNS
INRA 92T.120. 16	0.00	58	-0.50	RS + RNS
ARKA	0.17	28	-0.31	RS + RNS
PIMPERNEL	0.38	10	-0.24	RNS
MARITTA	0.35	10	-0.23	RNS

Tableau 1 : Paramètres dérivés des courbes de progression du mildiou chez 7 génotypes de pomme de terre et types de résistance (Ploudaniel ; 1995).

Ce tableau montre bien que le témoin sensible Bintje est affecté de la valeur d'AUDPCr la plus forte. La valeur élevée du Δt de Pentland Dell s'explique par le fait que, dans la région, très peu d'isolats de mildiou sont capables de contourner R2. En revanche, la grande majorité sont virulents vis-à-vis de R1. Les faibles valeurs de Δa des deux génotypes INRA 92T109.24 et INRA 92T120.16 sont caractéristiques de la présence d'une résistance non spécifique. Les valeurs de Δt (respectivement 28 jours et 10 jours) permettent de discriminer les 2 génotypes à valeurs d'AUDPC voisines Arka (0.17) et INRA 92T109.24 (0.16).

La transformation des données primaires par la fonction $Y_i = \text{Log}(y_i/1-y_i)$ (Figure 3) permet de mieux appréhender le début de l'infection que sur les courbes initiales (Figure 2). En outre, on voit bien le relatif parallélisme qui existe entre la droite de Maritta et celle de Pimpernel (valeurs de Δa très voisines) et la plus grande vitesse de progression du mildiou sur Pentland Dell que sur le témoin sensible Bintje, une fois que Pentland Dell est attaquée.

3. CONCLUSION

L'évaluation au champ de la résistance de la pomme de terre au mildiou du feuillage ne peut valablement être réalisée qu'en climat océanique (ex : Ploudaniel : 48°30'N, 4°19'W, 36m) et en situation régulièrement contaminée par le mildiou. Une construction précise des courbes nécessite des notations visuelles hebdomadaires. Une interprétation des résultats basée uniquement sur l'examen des courbes devient impossible dès que l'évaluation porte sur un nombre relativement élevé de génotypes (>10). L'utilisation des trois paramètres AUDPCr, Δt et Δa permet de préciser niveaux et types de résistance.

On peut penser que la méthode présentée ici puisse s'appliquer à d'autres pathosystèmes faisant intervenir des parasites foliaires à dissémination aérienne.

BIBLIOGRAPHIE

Ellissèche D. ; Pelle R. ; Andrivon D. (1999). Résistance variétale au mildiou : situation et perspectives. *La Pomme de terre française*, 510 : 16-22.

Ellissèche D. ; Pelle R. ; Andrivon D. (1999). A simple tool for using epidemiological data in breeding programmes for late blight resistance. 14th Triennial Conference of the EAPR, Sorrento, 1999/05/2-7, Abstracts of Conference Papers, Posters and Demonstration, 104-105.

Fry W.E. 1978. Quantification of general resistance of potato cultivars and fungicide effects for integrated control of potato late blight. *Phytopathology* 68:1650-1655.



Photo 1 : *Système d'aspersion en action* (Photo : Roland Pellé)



Photo 2 : *Résistance au mildiou de la pomme de terre : essai au champ en contamination naturelle.* (Photo Roland Pellé)