

« Diversité génétique
des souches de
Ralstonia solanacearum,
pathogène de la pomme de terre
dans la Région Vakinankaratra »



Contexte

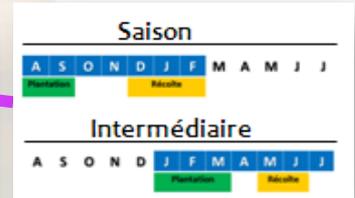


Epidémie de flétrissement bactérien sur la culture de pomme de terre dans la Région Vakinankaratra

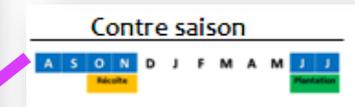
Strates écologiques

Calendrier cultural

Plus de 1700 m

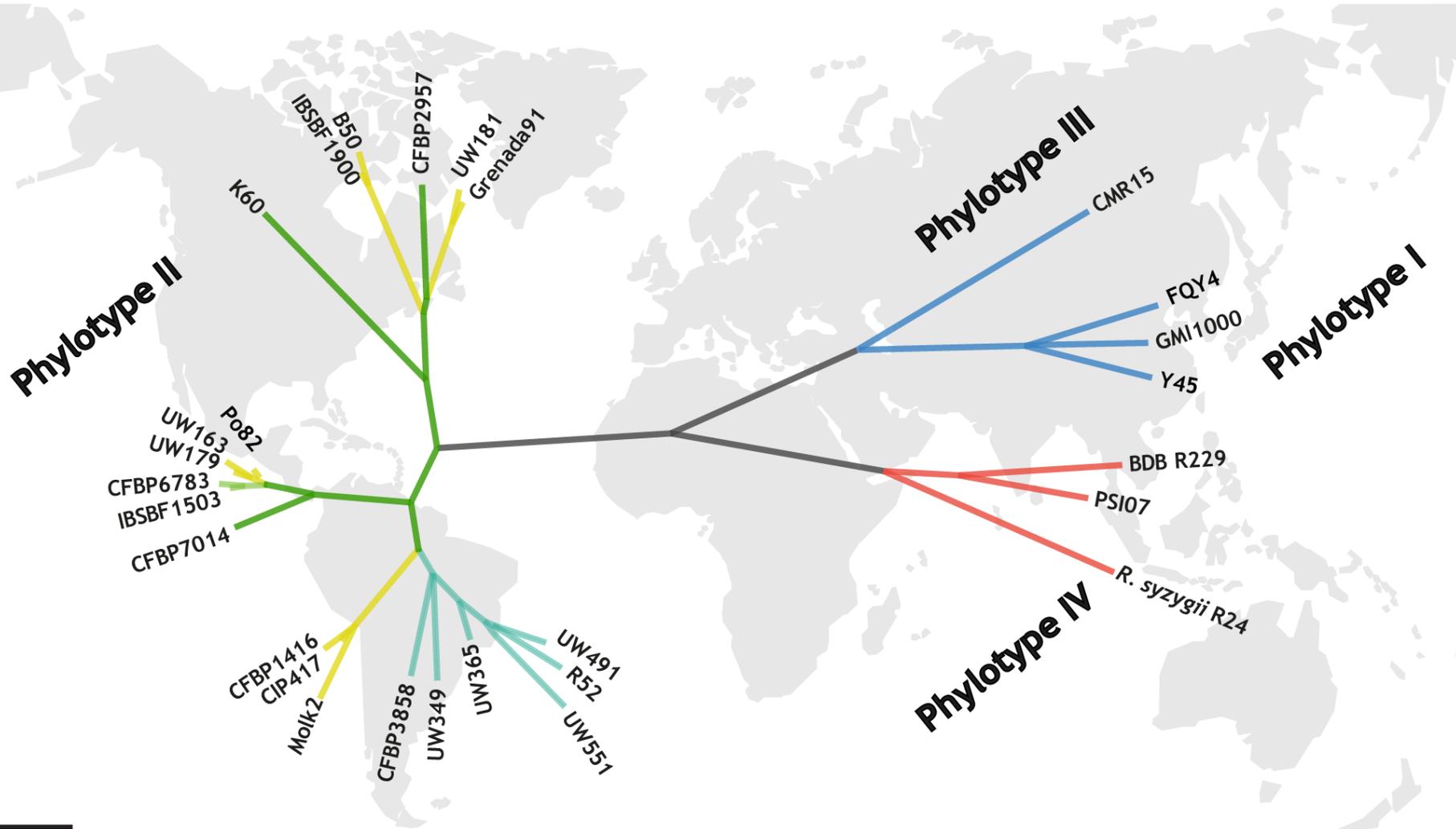


Jusqu' à 1200 m



- Culture vivrière
- Culture de rente
- Culture d'exportation

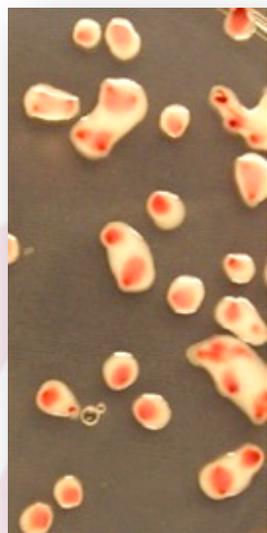
Le complexe d'espèces *R. solanacearum*



0.05

Flétrissement bactérien

Ralstonia solanacearum



- Endémique
- Tellurique
- Vasculaire
- Signalé en 1946 par G. Bourriquet
(Rasolofo, 1965)
- Présence sur « tanety »
(Lallmahomed et al., 1988 ; Rakotondramanana, 1984)
- Identifié comme « r1bv1 »
(Lallmahomed et al., 1988 ; Rakotondramanana, 1984 ; Rahetlah, 2008)
- « r3bv1 » Lallmahomed et al., 1984
Poussier et al., 2000
- Lutte par la résistance variétale (Fifamanor)

phylotype I

phylotype III



Variétés résistantes aux phylotypes III et/ou I

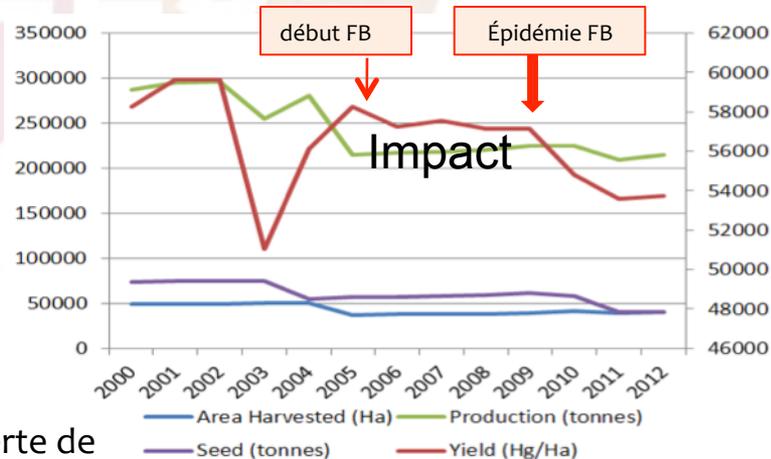
Contamination des stations de production de semences



Station de pré-base (plus de 2000m)



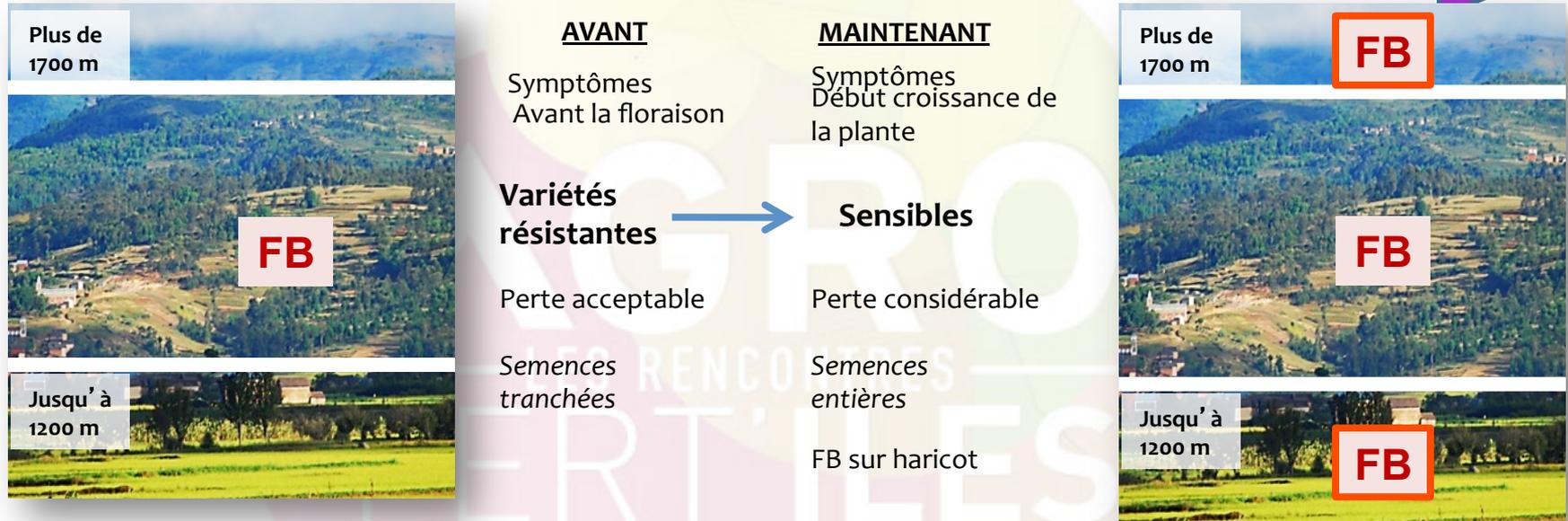
Station de base



Perte de résistance

Enquêtes épidémiologiques

1946 1984 1988 2003 2004 2005 2006 2007 2008 2009 2010 2011 2012



Pourquoi ce changement épidémiologique?

Comment expliquer l'émergence du FB?

Dans quelle mesure la perte de résistance est-elle liée à cette épidémie?



Hypothèses

- ❖ Des **souches exotiques** se sont installées dans des milieux écologiques qui leur sont favorables et où les variétés de pomme de terre cultivées leur sont sensibles;
- ❖ De **nouveaux variants** hautement agressifs ont émergés de la population endémique Rs, voire une souche cryptique se déploie.

Questions de recherche

**QUELLE EST LA DIVERSITE DES SOUCHES RS PREVALENTES
DANS LES BASSINS DE PRODUCTION DE POMME DE TERRE ?
(biodiversité)**

&

**COMMENT UTILISER CETTE CONNAISSANCE DANS LE PROCESSUS
DE SELECTION VARIETALE POUR LA RESISTANCE
AU FLETRISSEMENT BACTERIEN?
(sécurité alimentaire)**

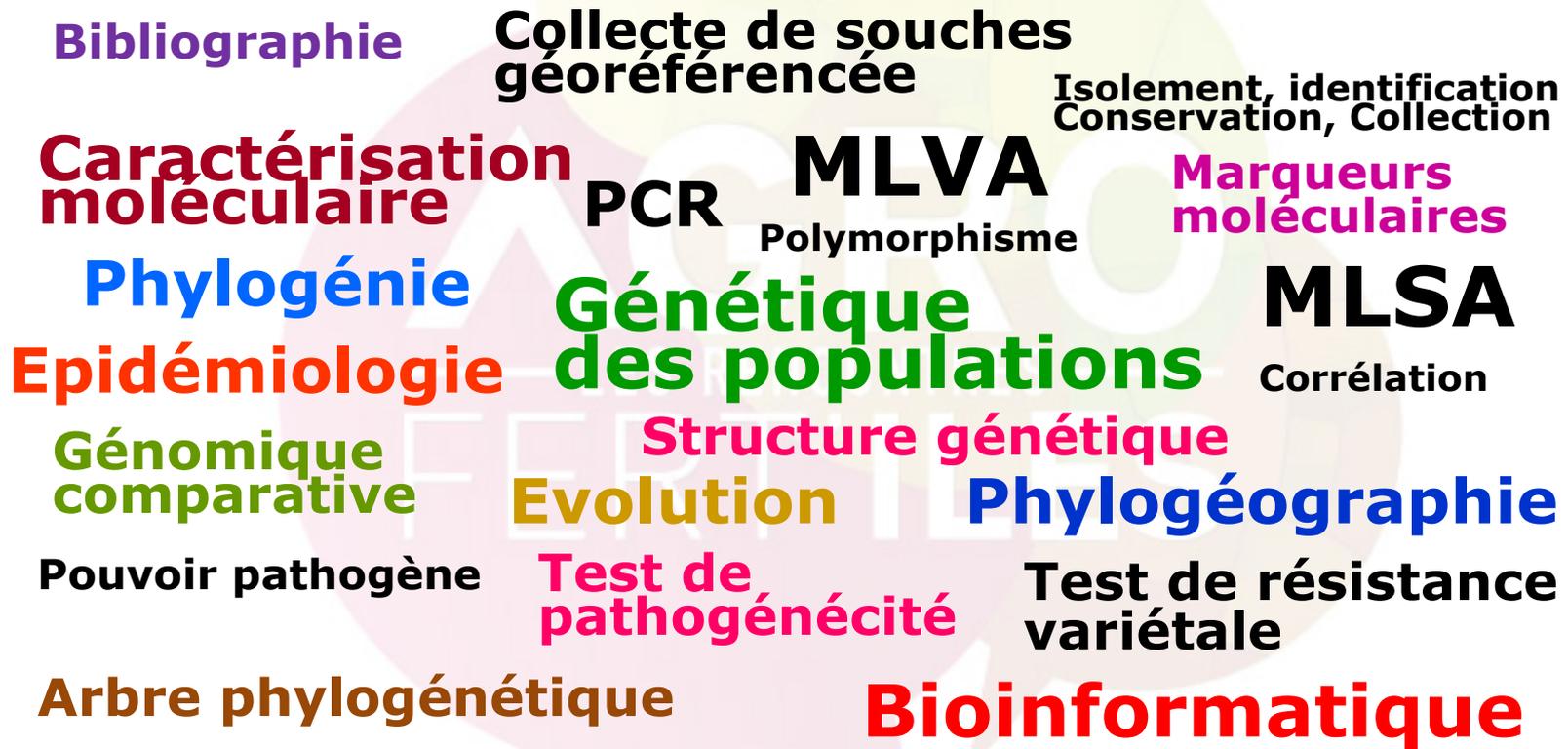
3 grandes lignes de recherche

1 Diversité génétique des souches de Rs malgaches

2 Structure des populations, épidémiologie moléculaire et histoire évolutive des souches de Rs malgaches

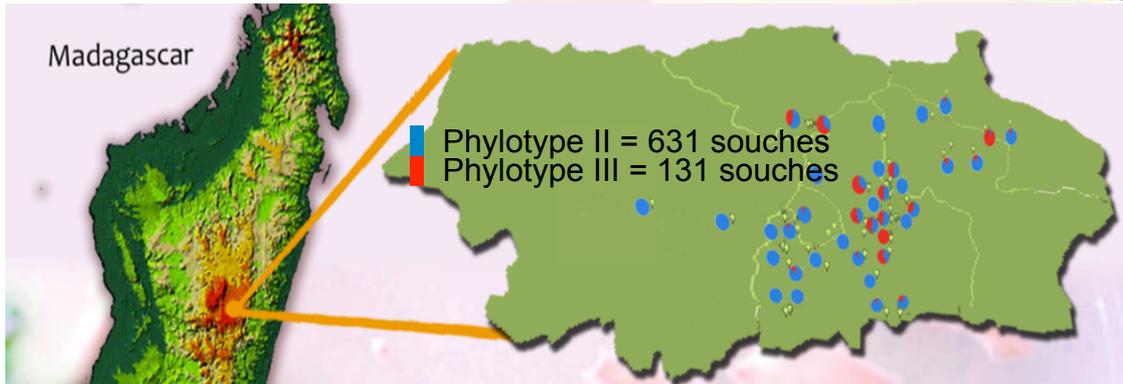
3 Etude de la variabilité du pouvoir pathogène et de la résistance variétale

Méthodologie



Premiers résultats

Typage moléculaire

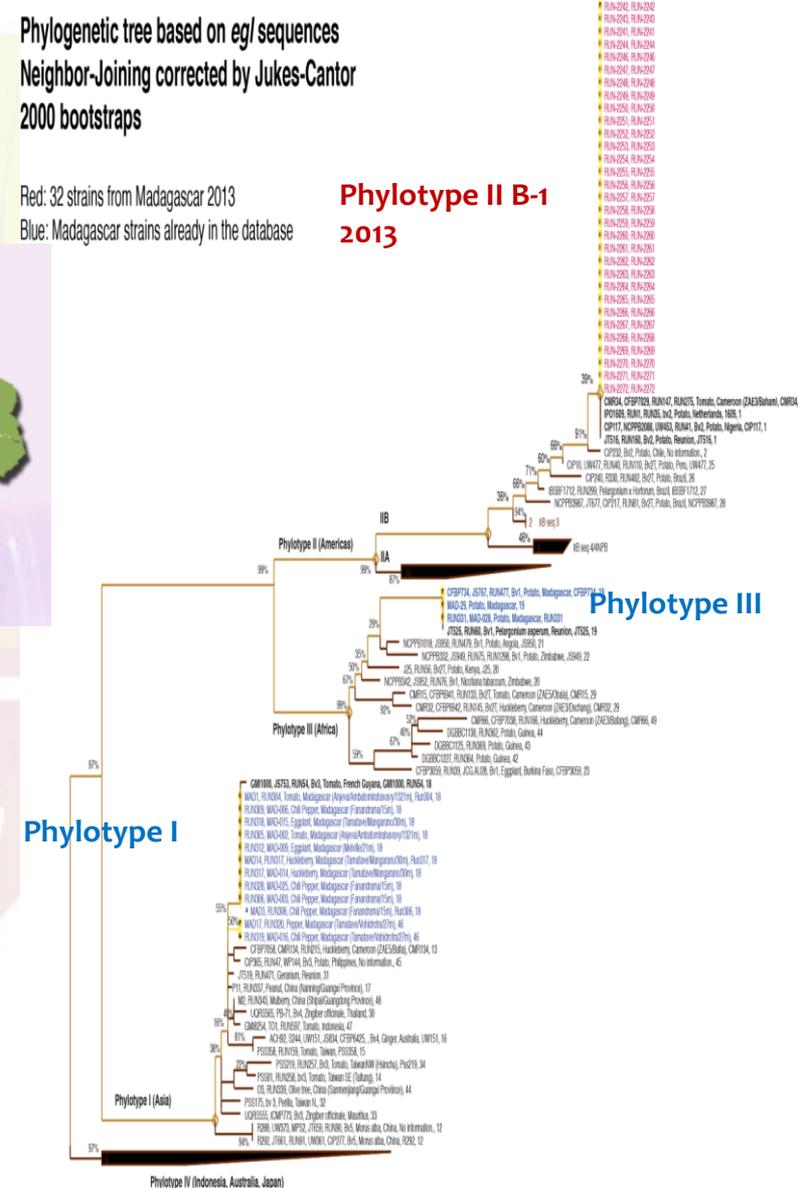


- ✓ Première description du Phylotype IIB-1 à Madagascar
- ✓ Epidémies de FB associées aux souches « Brown rot »

Phylogenetic tree based on *egl* sequences
Neighbor-Joining corrected by Jukes-Cantor
2000 bootstraps

Red: 32 strains from Madagascar 2013
Blue: Madagascar strains already in the database

Phylotype II B-1
2013



Etude du polymorphisme

MLVA phylotype III

Détermination de marqueurs moléculaires = VNTR, microsatellites

Schéma MLVA (N' guessan, 2013)

6 microsatellites polymorphes

CMR026, CMR2699, CMRmp0985,
PSImp1685, CMR1071, ch0754C

Environ 21 profils VNTR

Recherche de VNTR polymorphes

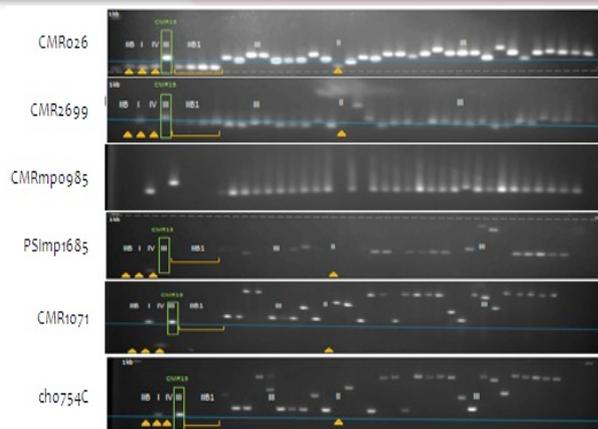
8 microsatellites polymorphes

CMRch622, CMRch1269, CMRch2610, CMRmp1438,
CMRmp131, CMRch390, CMR1774, CMRmp233

Environ 8 profils VNTR

Schéma MLVA Phylotype III - MG

CMR026, CMR2699, CMRmp0985, PSImp1685, CMR1071, ch0754, CMRch622, CMRch1269,
CMRch2610, CMRmp1438, CMRmp131, CMRch390, CMR1774, CMRmp233



Etude du polymorphisme

MLVA phylotype II

Détermination de marqueurs moléculaires = VNTR, microsatellites

Schéma MLVA (N' guessan, 2013) 9 microsatellites

Schéma MLVA (Parkinson, 2013) 5 microsatellites

Schéma MLVA Phylotype II – MG à tester

CMR026, CMR2699, M0786, CFBPch2508, CFBPch0847, IP0100, IP4134, M1936,
M5321, L504, L539, L540, L563, L578



**Merci de votre
attention!**