

Populations de mildiou de la pomme de terre et de la tomate en France en 2023 : caractéristiques et conséquences

L'agent du mildiou de la pomme de terre et de la tomate, *Phytophthora infestans*, reste une menace majeure pour les agriculteurs et maraichers comme pour les jardiniers amateurs. Présent dans et aux abords des cultures (parcelles de production, jardins de particuliers, tas de déchets avoisinant les champs, repousses), ce parasite est capable d'initier des épidémies à partir de nombreux réservoirs d'inoculum, surtout lorsque la prophylaxie (bâchage ou destruction des tas de déchets et des repousses) est insuffisamment mise en oeuvre. De plus, de nouveaux génotypes ou lignées clonales apparaissent régulièrement qui, devenant parfois invasifs, impactent directement la lutte.

Depuis 2013, un suivi des populations de *P. infestans* est organisé chaque année en France pour surveiller ces évolutions, grâce à un réseau mobilisant un grand nombre d'acteurs régionaux (réseau BSV, chambres d'agriculture, instituts techniques, producteurs de plants, coopératives, négociants, industriels, CETA, etc...) et au soutien scientifique d'INRAE. Cette épidémiosurveillance repose sur :

- une collecte facilitée 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 ;



- une caractérisation génotypique du parasite, à partir de l'ADN contenu sur ces cartes. Ceci fournit l'empreinte génétique de chaque individu, et donc l'identification des principales lignées clonales et variants nouveaux présents sur le territoire.

Cette méthode d'identification étant partagée au niveau européen, les données françaises peuvent être mises en regard de celles des pays voisins, ce qui permet de mieux tracer et comprendre les changements affectant les populations du parasite et ses voies de dissémination. La compilation à l'échelle européenne est effectuée et rendue publique tous les ans par le réseau EuroBlight sous forme de cartes interactives: <https://agro.au.dk/forskning/internationale-platforme/euroblight/pathogen-monitoring/genotype-map>.

Quelques résultats marquants pour la campagne 2023

Une épidémie atypique en trois temps

Après une campagne 2021 marquée par des épidémies d'une intensité exceptionnelle, et une saison 2022 caractérisée au contraire par une épidémie faible et tardive, 2023 a connu un développement très atypique du mildiou. Ce parasite étant très dépendant des conditions météorologiques, la climatologie inhabituelle de 2023 a en effet amené une épidémie en trois phases : un démarrage assez tardif, en particulier dans l'Ouest et le Nord, avec les quelques pluies de fin Juin puis surtout de fin Juillet, une pause due aux températures très élevées du début du mois d'Août, puis un redémarrage progressif à partir du 15 Août et jusqu'à la récolte. Les précipitations de fin d'été et du début

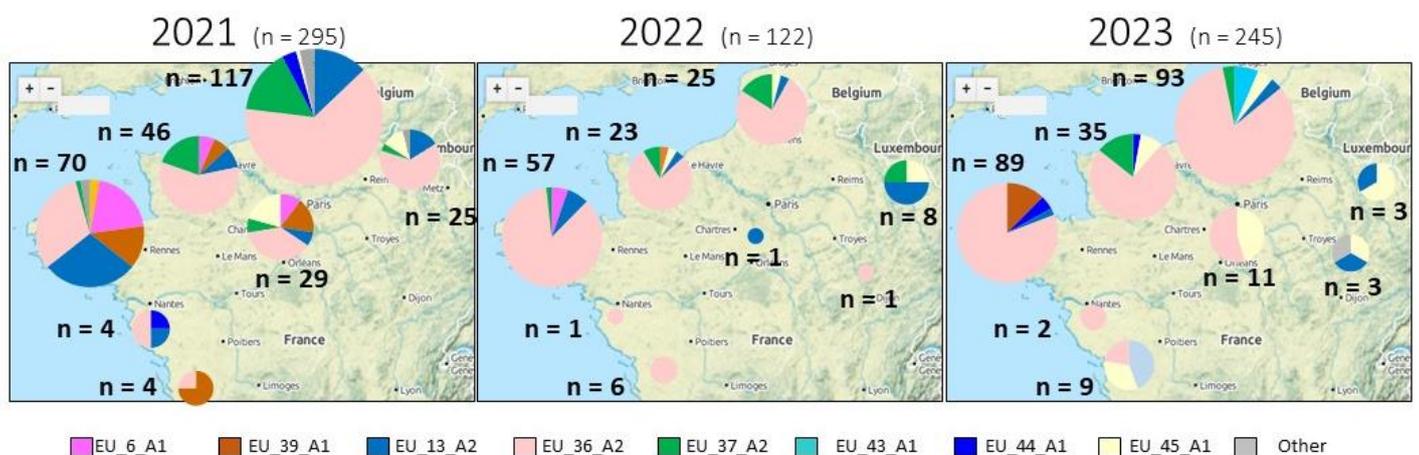
d'automne ont conduit à des infections de tubercules plus fréquentes qu'habituellement dans la plupart des régions.

Des génotypes nouveaux supplantent partout les lignées historiques

Après une année 2022 marquée par une collecte limitée d'échantillons due à la faible épidémie, ce sont plus de 260 cartes qui ont été étudiées cette année. Ce nombre important fournit une vision assez précise de la composition actuelle des populations de *P. infestans* dans la plupart des régions, y compris du Sud du pays.

Comme le montre la figure ci-dessous, cinq enseignements principaux peuvent être tirés des données de génotype obtenues :

- comme en 2021 et 2022, la lignée EU_36_A2 (rose pâle) est désormais très largement majoritaire dans toutes les zones d'échantillonnage ;
- la régression, et parfois même la disparition complète des lignées historiques EU_13_A2 (bleu) et EU_6_A1 (bleu) se poursuit : cette dernière a en effet disparu entièrement des échantillons collectés;
- la lignée EU_37_A2 persiste de manière limitée uniquement dans quelques régions (Normandie et dans une moindre mesure Hauts de France), sans doute à relier au recul de l'emploi du fluazinam (matière active à laquelle cette lignée est résistante);
- l'extension à la fois géographique et en fréquence de la lignée EU_45_A1 (jaune pâle) se poursuit : elle est désormais présente dans toutes les régions, à l'exception notable de la Bretagne ;
- enfin, fait marquant de la campagne, la détection pour la première fois en France de la lignée EU_43_A1, essentiellement dans le Nord du pays. Les caractérisations antérieures, réalisées à l'étranger, des souches appartenant à cette lignée établissaient qu'une partie importante de ces souches étaient résistantes aux fongicides de la famille des CAA (notamment le mandipropamide), et parfois aussi à l'oxathiapiproline. Les analyses sur les échantillons français sont encore en cours, mais nous n'avons reçu aucune mention de perte d'efficacité en France de ces deux matières actives au champ. La vigilance s'impose toutefois pour les campagnes à venir, dans la mesure où cette lignée est désormais bien établie au Bénélux et au Danemark, où elle cause des difficultés importantes pour la lutte chimique.



Fréquence des lignes clonales de *Phytophthora infestans* dans les différentes régions françaises en 2021, 2022 et 2023. Chaque lignée est représentée par une couleur, et « n » est le nombre d'échantillons analysés pour chaque région.

Sur tomate, on peut noter la persistance dans le Sud-Ouest de la lignée historique EU_23_A1, alors que les échantillons de la moitié Nord de la France appartiennent majoritairement aux lignées EU_39_A1 et EU_44_A1, génétiquement assez proches l'une de l'autre. Ces observations confirment une différenciation assez nette entre populations présentes sur pomme de terre d'une part, sur tomate d'autre part, même si des lignées comme EU_36_A2 sont identifiées sur chacun de ces deux hôtes.

Quelles conséquences immédiates pour la lutte ?

Caractéristiques des souches françaises. La lignée dominante actuellement, EU_36_A2 ne montre pas de perte de sensibilité aux produits de traitement employés actuellement, à la différence de EU_37_A2 dont la faible sensibilité au fluazinam est désormais bien établie, et de EU_43_A1 dont la plupart des isolats sont reconnus comme résistants aux fongicides de la famille des CAA. Sur le plan du pouvoir pathogène, EU_36_A2 se distingue peu de EU_37_A2 pour sa virulence (capacité à contourner certains des gènes majeurs de résistance de la plante) ; les isolats analysés contournent en moyenne 6 à 8 des 11 gènes *R* provenant de *Solanum demissum*. En revanche, elle semble un peu plus agressive que EU_13_A2 et EU_37_A2 (les moins agressives), mais moins que la lignée historique EU_6_A1. Des travaux britanniques suggèrent que EU_36_A2 aurait 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 son expansion rapide lors des trois dernières saisons. De plus, ces souches semblent, toujours d'après des observations britanniques, assez agressives sur tubercules, ce qui pourrait favoriser leur conservation hivernale. Des essais sont actuellement en cours pour déterminer plus précisément le comportement relatif des différentes lignées présentes en France, sur une gamme de variétés présentant différents niveaux de résistance au champ, avec un nombre plus significatif d'isolats. Ces données seront utiles pour accompagner au mieux le déploiement de variétés améliorées pour la résistance au mildiou.

Nous n'avons que très peu d'information sur les caractéristiques des autres lignées détectées dans le suivi, en particulier la lignée émergente EU_45_A1. Les premiers tests réalisés à INRAE suggèrent toutefois que cette lignée a également une agressivité intermédiaire entre celles des lignées historiques EU_6_A1 (très agressive) et EU_13_A2 (assez peu agressive). Ces données préliminaires seront utilement complétées par celles obtenues lors des essais mentionnés ci-dessus.

Comparaison avec les populations européennes. Le développement rapide de EU_36_A2, remplaçant EU_13_A2, est visible dans la plupart des pays d'Europe de l'Ouest. Par contre, l'Europe du Nord reste à l'écart de cette tendance, avec le développement d'autres lignées clonales (EU_41_A2, EU_43_A1) et une présence généralisée de populations sexuées issues d'oospores persistant dans les sols. Ces phénomènes de reproduction sexuée sont apparemment rares en France, ce qui simplifie la lutte car les oospores constituent une source de brassage génétique et de contamination de long terme, difficiles à suivre et à inclure dans les modèles épidémiologiques de prévision des risques.

Il n'est par ailleurs pas anodin de noter que les phénomènes de perte de sensibilité à diverses matières actives tendent à s'accroître et à s'accélérer : sensibilité faible aux phénylamides chez EU_13_A2, au fluazinam chez EU_37_A2, et résistance au mandipropamide voire à l'oxathiapiproline chez une majorité des souches de EU_43_A1. La détection en 2023 de quelques individus de cette dernière lignée, dont la sensibilité est en cours d'évaluation, impose donc la plus grande vigilance quant à la performance de la lutte chimique et à l'élaboration des programmes de traitements.

La surveillance se poursuivra en 2024, avec l'apport de l'application participative VigiMildiou et de nouveaux outils en développement

Les données de surveillance sont un élément de plus en plus important pour le pilotage de la lutte contre le mildiou. Le dispositif déployé ces dernières années sera donc reconduit en 2024 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 se rapprocher des contacts indiqués ci-dessous, qui leur fourniront des cartes FTA vierges, un mode d'emploi et les instructions pour l'envoi des échantillons. INRAE continuera pour sa part à assurer le génotypage et la synthèse des résultats. Nous tenons à remercier ici l'ensemble des acteurs de terrain, dont l'implication dans la collecte des échantillons permet de suivre au plus près 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 bénéficie de développements déjà opérationnels ou en cours d'évaluation :

- d'une part, la possibilité de relier très simplement observation du stade épidémique et collecte d'échantillons, grâce à l'application participative **VigiMildiou**, développée dans le cadre du projet SYNAPTIC (<https://ecophytopic.fr/recherche-innovation/protéger/projet-synaptic>). Cette application, téléchargeable gratuitement via les plateformes de téléchargement GooglePlay et AppStore (accès direct depuis la page dédiée du portail ephytia : <https://ephytia.inra.fr/fr/P/176/VigiMildiou>), permet à tous les acteurs, professionnels ou particuliers, de renseigner en quelques secondes et depuis un smartphone la présence de mildiou. Ces observations sont évidemment l'occasion de prélever des échantillons, via les cartes FTA, échantillons qui entreront alors dans le dispositif de surveillance annuelle. C'est donc un moyen pour chacun de contribuer directement à l'effort de suivi des populations de *P. infestans*, au bénéfice de tous !
- d'autre part, la mise au point, actuellement en cours de test, d'une méthode d'identification des lignées présentes localement à partir de spores collectées dans l'air *via* des pièges à spores. La mise au point de cette nouvelle technologie reste à finaliser, mais des premiers essais semblent prometteurs. A suivre donc !

Contacts

Collecte d'échantillons :

Bretagne - Julie Le Moal (j.lemoal@plantsdebretagne.com);

Arnaud Barbary (a.barbary@plantsdebretagne.com)

Hauts de France, Normandie, Grand Est – Pauline Dewaegeneire

(pauline.dewaegeneire@inov3pt.fr) ; Clément Mabire ; Cyril Hannon

(c.hannon@arvalis.fr)

Centre Val de Loire, Pays de la Loire, Nouvelle Aquitaine, Rhône Alpes – Philippe Laty

(philippe.laty@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, 35653 Le Rheu

Romain Mabon (romain.mabon@inrae.fr), Michèle Guibert (michele.guibert-rolland@inrae.fr) et Didier Andrivon (didier.andrivon@inrae.fr).