

# Acte de conférences



10<sup>ème</sup> édition du congrès

**28 et 29 mai 2018**

## Epidémiosurveillance dans les Antilles de génotypes impliqués dans l'adaptation à des résistances variétales chez le champignon *Pseudocercospora fijiensis* causant la maladie des raies noires du bananier.

Thomas Dumartinet<sup>1</sup>, Léa Picard<sup>1</sup>, Sébastien Ravel<sup>1</sup>, François Bonnot<sup>1</sup>, Marie- Françoise Zapater<sup>1</sup>, Daniel Bieysse<sup>1</sup>, Véronique Rousse<sup>1</sup>, Rémy Habas<sup>1</sup>, Catherine Abadie<sup>1</sup>, Jaime Aguayo<sup>2</sup>, Jean Carlier<sup>1</sup>

<sup>1</sup> CIRAD, UMR **BGPI**, Montpellier/Guadeloupe, France,

<sup>2</sup> ANSES, Laboratoire de la Santé des Végétaux, Unité de Mycologie, Malzéville, France.

La gestion de variétés résistantes aux parasites nécessite la mise en place d'une épidémiosurveillance de génotypes les contournant ou les érodant. C'est le cas notamment de la maladie des raies noires du bananier, grave maladie foliaire provoquée par le champignon *Pseudocercospora fijiensis* qui a été récemment introduite dans les Antilles françaises. Des niveaux de maladie élevés ont été observés récemment en Guadeloupe. L'existence de souches très agressives dans cette île a été confirmée par inoculation en laboratoire. L'étude de l'histoire des populations de *P. fijiensis* dans les Caraïbes nous amène à suspecter une introduction dans les Antilles françaises de génotypes qui se sont auparavant adaptés à des résistances variétales dans d'autres îles. Alternativement, ces !

génotypes pourraient être issus d'un brassage génétique entre deux fonds génétiques différents introduits dans les Antilles française. Pour tester ces hypothèses, nous proposons tout d'abord de développer des approches de génomique des populations et génétique d'association afin d'identifier les gènes impliqués et d'élucider l'origine des génotypes des souches très agressives. L'implication de ces gènes dans la pathogénicité et l'adaptation sera ensuite validée par des inoculations en laboratoire et des analyses d'expression de gènes. Enfin, à partir de ces informations, nous développerons des outils moléculaires de détection afin de mettre en place une épidémiosurveillance de ces génotypes.