

## Projet Co-Act, publication scientifique

# Quand une bactérie paléarctique rencontre un insecte vecteur néarctique: facteurs génétiques et écologiques de l'émergence des épidémies de Flavescence dorée en Europe

Malembic-Maher S, Desqué D, Khalil D, Salar P, Bergey B, Danet J-L, Duret S, Dubrana-Ourabah M-P, Beven L, Ember I, Acs Z, Della Bartola M, Materazzi A, Filippin L, Krnjajic S, Krstić O, Toševski I, Lang F, Jarausch B, Kölber M, Jović J, Angelini E, Arricau-Bouvery N, Maixner M & Foissac X (2020) When a Palearctic bacterium meets a Nearctic insect vector: Genetic and ecological insights into the emergence of the grapevine Flavescence dorée epidemics in Europe. *Plos Pathogens* 16: e1007967. doi:10.1371/journal.ppat.1007967.

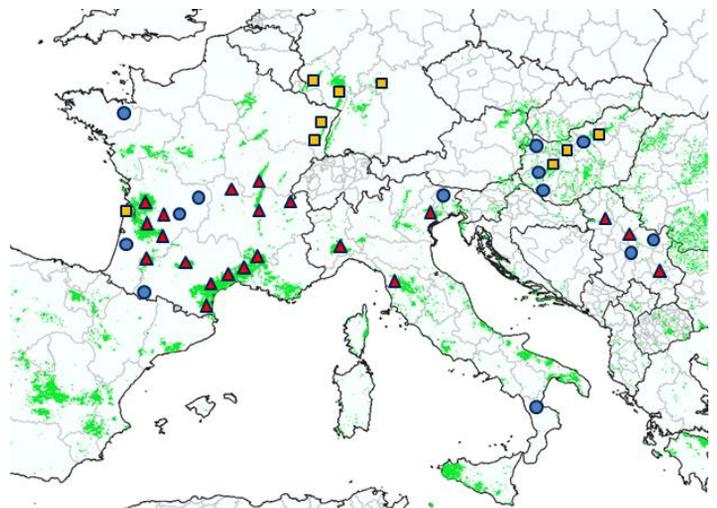
Laboratoires impliqués: INRAE, Univ. Bordeaux, UMR BFP, Villenave d'Ornon, France; Genlogs Biodiagnosztika Ltd, Budapest, Hungary; Department of Agriculture, Food and Environment, University of Pisa, Pisa, Italy; CREA Viticulture and Enology, Conegliano (TV) Italy; Department of Plant Pests, Institute of Plant Protection and Environment, Zemun, Serbia; CABI, Delémont, Switzerland; JKI, Institute for Plant Protection in Fruit Crops and Viticulture, Siebeldingen, Germany.

Financements pour l'équipe française: INRAE, Région Nouvelle-Aquitaine, CIVB, BIVB, CNIV, CASDAR et Union Européenne.

**Résumé.** Depuis les premiers foyers, les épidémies de Flavescence dorée dans les vignobles européens ont été associées à l'introduction du vecteur nord-américain, la cicadelle viticole *Scaphoideus titanus*. Notre étude menée dans cinq pays européens montre que le phytoplasme associé à cette maladie de quarantaine est originaire et endémique des aulnes européens. Alors que les aulnes infectés mais asymptomatiques hébergent une importante diversité génétique de phytoplasmes, les épidémies chez la vigne se limitent à quelques variants bactériens. La transmissibilité de ces variants génétiques par *S. titanus* résulte d'une pré-adaptation de leurs adhésines de surface à certaines cicadelles de la même sous-famille, vivant sur les aulnes et capables de transmettre occasionnellement à la vigne. Ces adhésines évoluent rapidement grâce à leur structure en éléments répétés. Ceci leur confère un rôle clé dans le mode de vie des phytoplasmes infectant les hôtes ligneux, qui dépendent de l'adaptation à de nouveaux insectes vecteurs pour élargir leur gamme de plantes-hôtes. Cette étude révèle donc l'origine de la Flavescence dorée de la vigne et permet d'ores et déjà de restreindre la lutte anti-vectorielle aux foyers causés par les variants/vectotypes réellement épidémiques.

### Contexte et enjeu

La Flavescence dorée (FD) de la vigne est une maladie de quarantaine à phytoplasmes qui est apparue dans les années 1950 dans le sud-ouest de la France puis s'est propagée dans les vignobles de dix pays européens. La lutte obligatoire contre la FD qui consiste en la surveillance des vignobles, l'arrachage des pieds atteints et les traitements insecticides a des impacts économiques, environnementaux et sociaux importants. Alors que la cicadelle vectrice *S. titanus* avait été introduite d'Amérique du Nord lors de l'importation des vignes américaines résistantes au phylloxera, la possible origine européenne du phytoplasme FD devait être testée et corrélée avec les facteurs écologiques et génétiques liés à l'émergence de la FD. À cette fin, une étude de la diversité génétique et du cycle écologique du phytoplasme a été menée dans cinq pays européens.



**Localisation des échantillons.** Zones viticoles selon Corine Land Cover (en vert). Sites d'échantillonnage dans des zones non viticoles (cercles bleus), dans des zones viticoles non contaminées par la FD\* (carrés jaunes) et dans des vignobles contaminés par la FD\* (triangles rouges).

\* aux dates où les prélèvements ont été effectués.

# Résultats

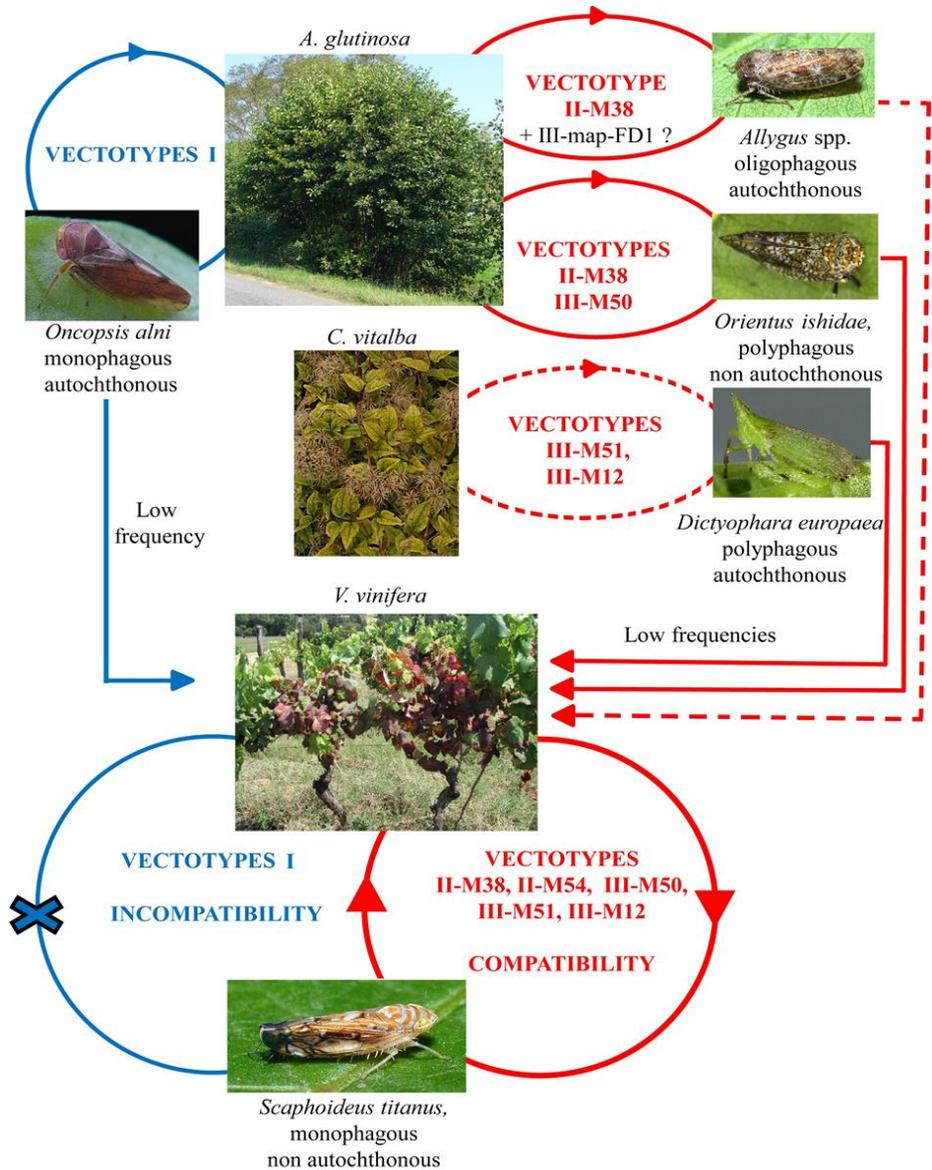
L'échantillonnage en France, Allemagne, Italie, Hongrie et Serbie des vignes, aulnes, clématites et de cicadelles associées à ces plantes a permis de caractériser 132 variants génétiques du phytoplasme par séquençage du gène map (M1 à M132). Seuls 11 variants étaient associés à des foyers de FD sur vigne et 3 ont été détectés dans des clématites. Alors qu'ils ne présentaient pas de symptômes, la plupart des aulnes étaient infectés par une diversité de 127 variants génétiques en populations dans les arbres, que ce soit à proximité des foyers de FD, dans les régions viticoles sans FD et les régions non viticoles. Près de 8 % des phytoplasmes détectés dans les aulnes étaient génétiquement identiques à ceux associés à des foyers de FD au vignoble. Parmi les cicadelles capturées sur aulnes, la Macroscopinae *Oncopsis alni*, a pu transmettre des variants du phytoplasme incapables d'être transmis par la Deltocephalinae *S. titanus*, tandis que les Deltocephalinae *Allygus* spp. et *Orientalis ishidae* ont transmis deux variants aptes à la transmission par *S. titanus*. La variabilité génétique des adhésines de surface VmpA et VmpB de tous ces phytoplasmes distingue clairement 3 clusters génétiques. Les génotypes du cluster Vmp-I ou vectotypes I ne sont transmis que par *O. alni*, tandis ceux des clusters Vmp-II et -III ou vectotypes II et III sont transmis par les cicadelles Deltocephalinae.

Fait intéressant, les domaines répétés des adhésines des vectotypes II et III résultent de duplications récentes.

Ces données démontrent donc que la plupart des phytoplasmes FD sont endémiques aux aulnes européens et que l'élucidation de leur cycle écologique, associé à leurs caractéristiques génétiques, permet de distinguer des variants génétiques à fort potentiel épidémique au vignoble.

**Légende :** Cycle écologique des phytoplasmes associés à la Flavescence dorée de la vigne. Les vectotypes I qui sont transmis occasionnellement à la vigne par un vecteur spécifique vivant dans les aulnes ne sont pas épidémiques au vignoble. A l'inverse les vectotypes II et III (génotypes map M12, M38, M50, M51) sont compatibles avec le vecteur viticole et provoquent les épidémies de Flavescence dorée.

Crédits Photos: INRAE France, JKI Allemagne, IPPE, Serbie.



## Perspectives

En terme d'application, les outils de génotypage développés dans cette étude permettent de retracer l'origine et la propagation des souches de phytoplasmes FD dans les vignobles et leurs environnements mais aussi d'identifier les souches épidémiques. Ces informations viennent alimenter les évaluations de risque pour mieux raisonner les stratégies locales de lutte. Ce type de gestion expérimentale associant surveillance renforcée des vignobles, génotypage des cas et modulation des insecticides se met actuellement en place dans certains vignobles en France. L'impact de la biologie des vecteurs alternatifs présents dans différents agroécosystèmes sur l'émergence des épidémies de FD devra être précisé : cycles de vie, plantes hôtes, dynamique des populations et capacité de vection des différents vectotypes du phytoplasme.