



Le flétrissement bactérien du riz au Niger: diversité pathologique d'isolats collectés sur les périmètres irrigués

[Bacterial leaf blight of rice in Niger: pathological diversity of isolates collected on irrigated lands]

Basso A^{1,2,3}, Onasanya A², Issaka S^{1,2}, Sido A.Y¹, Haougui A¹, Adam T³, Séré Y 2*, Saadou M³

1 Institut National de la Recherche Agronomique du Niger (INRAN), BP. 60 Kollo (Niger) ; 2 Unité de Phytopathologie du Centre du Riz pour l'Afrique (WARDA), 01 BP. 2031 Cotonou (Bénin) ; 3 Faculté d'Agronomie, Université Abdou Moumouni, B.P. 10 960, Niamey, Niger.

*Auteur correspondant e-mail : y.sere@cgiar.org

Original submitted in 26th October 2010. Published online at www.biosciences.elewa.org on February 9, 2011.

RESUME

Objectifs : Etablir la diversité pathologique d'isolats de *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* et identifier les gènes de résistance efficaces au Niger.

Méthodologie et résultats : Vingt (20) isolats collectés dans 16 localités du Niger ont été confrontés à 15 lignées quasi-isogéniques reçues de l'IRRI et portant un ou plusieurs gènes de résistance connus ainsi que trois variétés parmi lesquelles deux sont utilisées comme donneur de résistance au Rice Yellow Mottle Virus. La méthode d'inoculation est celle décrite par Dardick et al. (2003). La sévérité a été évaluée 14 jours après inoculation. Les gènes Xa-1, Xa-4, Xa-7 et la combinaison des gènes xa-5/xa-13 se révèlent efficaces alors que les gènes xa-8, Xa-18 et les variétés PNA647F4-56, Gigante et TOG5681 se sont avérés sensibles. Le modèle AMMI (Additive Main Effect and Multiplicative Interaction) habituellement utilisé pour analyser les interactions Génotype x Environnement a été appliqué à l'étude des relations entre les isolats et les lignées isogéniques. Il a fait apparaître 2 pathotypes, le pathotype XNgP1 qui se subdivise en deux sous groupes et le pathotype XNgP2 qui se subdivise en trois sous groupes. Les lignées et variétés se subdivisent en 4 groupes : Résistant, moyennement résistant, moyennement sensible, et sensible. La structure des populations se résume à 2 grands pathotypes : quatre isolats attaquent la plupart des structures génétiques tandis que six autres sont dotés d'un spectre étroit.

Conclusion et application : Les gènes Xa-1, Xa-4, Xa-7 et la combinaison des gènes xa-5/xa-13 se révèlent efficaces et peuvent être déployés dans le cadre d'une stratégie de gestion durable de la maladie.

Mots-clés : Riz, flétrissement bactérien, *Xanthomonas oryzae*, diversité pathologique, résistance.

ABSTRACT

Objectives: To establish pathological diversity of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* isolates and identify resistance genes in host plant.

Methodology and results: Twenty (20) isolates were collected from 16 locations around Niger and inoculated on 15 near-isogenic lines received from IRRI and carrying one or more known resistance genes and three varieties of which two are used as donors of resistance to Rice Yellow Mottle Virus. The inoculation method used was as described by Dardick et al. (2003). The severity was assessed 14 days after inoculation. The genes Xa-1, Xa-4, Xa-7 and the combination of genes xa-5/xa-13 proved effective while genes xa-8, Xa-18 and varieties PNA647F4-56, Gigante and TOG5681 were sensitive.

The AMMI (Additive Main Effect and Multiplicative Interaction) model usually used to analyze genotype x environment interactions was applied to study the relationships between isolates and isogenic lines. It showed two pathotypes: pathotype XNgP1 which is divided into two subgroups and pathotype XNgP2 which is divided into three subgroups. The lines and varieties were divided into four groups, i.e. resistant, moderately resistant, moderately sensitive, and sensitive. The population structure resulted in two major pathotypes: four isolates attacking most of the genetic structures and six others having a narrow spectrum. *Conclusion and application:* The genes Xa-1, Xa-4, Xa-7 and the combination of genes xa-5/xa-13 are effective and can be deployed as part of a strategy for sustainable management of the disease. **Key words:** Rice, bacterial blight in Niger, *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* isolates, pathological diversity, resistance genes.

INTRODUCTION

Le flétrissement bactérien des feuilles du riz (BB), causé par *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* (Xoo) (Swing et al., 1990), est l'une des maladies du riz les plus répandues au monde. En Asie, des pertes de 30 à 60% ont été signalées (Ou, 1985 ; Adhikari et al., 1994). Cette maladie a été signalée au Niger en 1983 (Reckhauss, 1983). Depuis cette date, très peu de travaux lui ont été consacrés. On sait qu'en conditions contrôlées, des pertes de 50% ont été enregistrées lorsque la feuille paniculaire est détruite de 76 à 100% (Reckhauss & Adamou, 1986). D'autres études effectuées avec quatre souches de la bactérie prélevées au Burkina Faso, au Niger et au Mali, indiquent qu'elles induisent des pertes importantes de rendements vis-à-vis des variétés testées (Séré et al., 2005). Des études conduites récemment sur l'importance du flétrissement bactérien au Niger (Basso et al., données non publiées) font ressortir

des pertes de l'ordre de 52% au champ. En Asie, les relations entre les isolats de Xoo et plusieurs cultivars de riz portant les gènes connus de résistance au BB, ont été largement étudiées (Adhikari et al., 1999 ; Gu et al., 2005 ; Liu et al., 2007). Une trentaine de races de Xoo ont été alors identifiées à travers le monde (Kuljit et al., 2008). En Afrique, très peu de travaux ont porté sur la caractérisation des isolats de Xoo. Cependant, les lignées isogéniques soumises à certains isolats d'origine africaine, font apparaître trois nouvelles races de la bactérie (Gonzalez et al., 2007). Au Niger, les études sur la diversité pathologique de Xoo n'ont guère été entreprises auparavant. La présente étude vise essentiellement à mettre en relief la diversité pathologique de Xoo au Niger et à identifier les gènes de résistance efficaces afin de les déployer dans les différentes zones de production de riz.

MATERIEL ET METHODES

Matériel végétal : Dix huit lignées et variétés ont été utilisées dans cette étude : Quinze lignées portant un ou plusieurs gènes de résistance connus vis à vis des races de Xoo identifiées en Asie et trois variétés TOG5681, Gigante et PNA647F4-56 de statut inconnu

vis-à-vis du flétrissement bactérien mais qui sont utilisées comme variétés différentielles pour l'étude de la variabilité du Rice Yellow Mottle Virus (RYMV) responsable de la panachure jaune, une autre maladie importante au Niger (tableau 1).

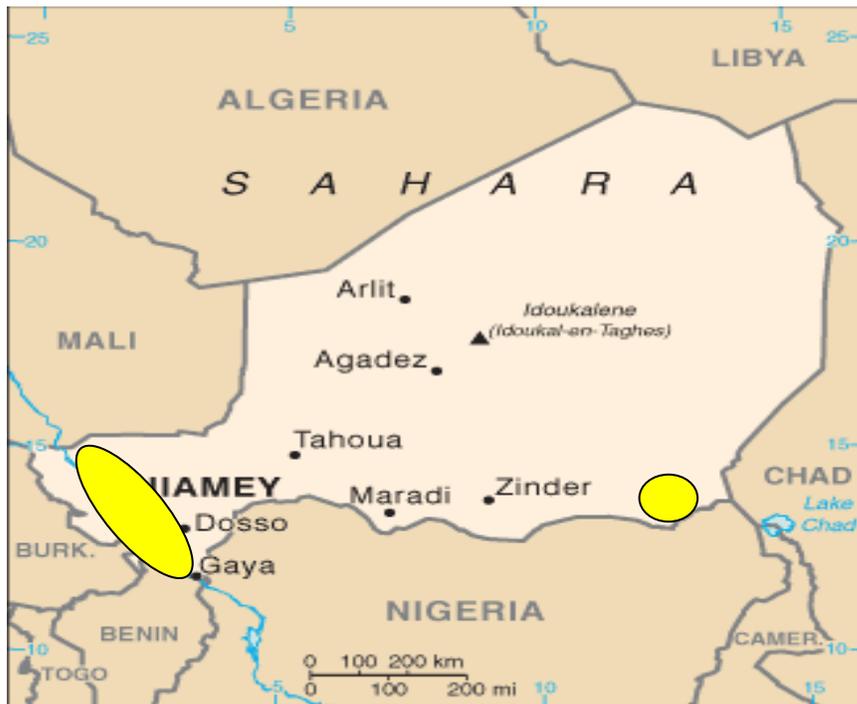
Tableau 1: Liste des variétés du riz testées et les gènes de résistance contre *Xanthomonas oryzae* pv *oryzae* qui les caractérisent.

Code Variété	Variété	Gènes de résistance	Provenance
V1	IR-BB1	Xa-1	IRRI
V2	IR-BB2	Xa-2	IRRI
V3	IR-BB3	Xa-3	IRRI
V4	IR-BB4	Xa-4	IRRI
V5	IR-BB5	Xa-5	IRRI
V6	IR-BB7	Xa-7	IRRI

V7	IR-BB8	Xa-8	IRRI
V8	IR-BB10	Xa-10	IRRI
V9	IR-BB11	Xa-11	IRRI
V10	IR-BB13	Xa-13	IRRI
V11	IR-BB14	Xa-14	IRRI
V12	IR24	Xa-18	IRRI
V13	IR-BB21	Xa-21	IRRI
V14	IR-BB53	Xa-5/Xa-13	IRRI
V15	IR-BB59	Xa-5/Xa-13/Xa-21	IRRI
V16	PNA647F4-56	?	AfricaRice
V17	Gigante	?	AfricaRice
V18	TOG 5681	?	AfricaRice

Les isolats de *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*:
Vingt isolats ont été collectés sur le riz et les mauvaises herbes au sein des périmètres irrigués situés le long

fleuve Niger à l'Ouest et aux abords de la Komadougou Yobé à l'Est (Figure 1).



● **Figure 1:** Zone de collecte des échantillons

La collecte des échantillons a eu lieu en avril et en octobre 2008, afin de couvrir les deux campagnes annuelles bien que les taux d'infection observés ne soient pas significativement différents (Basso et al, données non publiées). Les échantillons ont été

prélevés le long des diagonales des parcelles infestées sur environ 10% des parcelles au sein de chaque périmètre. Pour chaque isolat, l'isolement de la bactérie a été fait à partir d'une feuille présentant des symptômes caractéristiques du BB (Figure 2 et 3).



Figure 2: Symptômes du flétrissement bactérien sur le riz



Figure 3: Symptômes du flétrissement bactérien sur *Leersia hexandra* au bord d'une parcelle de riz à gauche et sur *Panicum repens* sur la diguette à droite

La feuille est plongée pendant 30 secondes dans un tube contenant de l'eau de Javel à 0,1% afin d'éliminer les bactéries et autres micro-organismes présents à la surface. Après les 30 secondes, la feuille est rincée trois fois à l'eau distillée stérile puis découpée en petits morceaux immergés dans un tube contenant environ 2ml d'eau distillée stérile. On laisse macérer pendant quatre heures au bout desquelles un film du macérât est étalé sur le milieu de culture (Nutrient Agar) à l'aide de l'anse de platine. Après 48 heures d'incubation à 28°C, une colonie est prélevée puis transférée dans du glucose Yeast Extract Agar puis incubée à 28 °C pendant 24 heures. Les isolats obtenus ont été

caractérisés biochimiquement pour différencier *X. o. pv. oryzae* (Xoo) de *X. o. pv. oryzicola* (Xoc). On a procédé au test Gram avec du KOH 3%, au test de croissance sur milieu semi-sélectif (Xoo+, Xoc), composé de Peptone (2,0 g), Monosodium glutamate (5,0 g), Ca(NO₃)₂ (0,2 g), K₂HPO₄ (2,0 g), Fe (EDTA) (1,0 mg) (éthylène diamine tétra acétique), Sucrose (20g), Agar (20g), Eau distillée (1000 ml). A cela, sont ajoutés après refroidissement à 45- 50°C, 1 ml de cycloheximide, 2 ml de Cephalexine, 2 ml de Kasugamycine et 3 ml de méthyle violet 2B. La caractérisation biochimique a également porté sur le test de croissance sur agar plus L-alanine à la

concentration de 0,05g/litre (Xoo-, Xoc+) et au test de croissance sur de l'agar nutritif additionné de nitrate de cuivre à 0,001% (Xoo+, Xoc-) (Ninà-Liu *et al.*, 2006). Certains des isolats obtenus ont inoculés à des adventices hôtes afin de vérifier si en retour on peut

observer un développement des symptômes (Figure 4). Pour une conservation de longue durée, les bactéries sont conservées à - 20° C dans du glycérol à 50%. La liste des isolats testés est dans le tableau 2.



Figure 4: Développement de symptômes sur *Echinochloa colona* inoculé artificiellement

Dispositif expérimental : Le dispositif expérimental est un bloc Fisher randomisé à trois répétitions. La parcelle élémentaire est représentée par deux pots de 1 litre de capacité. Chaque variété de riz est semée à trois plants par pots. Durant toute la durée de l'expérimentation, la température a varié de 26 à 32,5°C et l'humidité relative de 80 à 95,6%.

Préparation et application de l'inoculum : Les bactéries conservées dans du glycérol sont réactivées puis transférées sur du Glucose Yeast Extract Agar et mises en incubation à 28°C pendant 72 heures. Ces bactéries âgées de 72h sont suspendues dans de l'eau distillée stérile et la concentration est ajustée à 10^8 cfu/ml à l'absorbance 0,05 à 620 nm (Lee *et al.*, 2003),

à l'aide d'un spectrophotomètre. L'inoculation intervient 21 jours après le semis du riz. La méthode est celle décrite par Dardick *et al.* (2003). Pour chaque plant, trois talles et trois feuilles par talle sont inoculées soit au total 45 feuilles inoculées par variété et par répétition. L'inoculation consiste à couper à 3 - 4 cm terminaux des 3 dernières feuilles bien déroulées à l'aide d'un ciseau préalablement trempé dans l'inoculum. Pour favoriser l'infection, les plantes inoculées sont couvertes avec des cages plastiques pendant 4 jours afin d'amener et maintenir l'humidité relative proche de la saturation (90% environ). Pendant la journée, les plants sont découverts pour éviter un excès de chaleur à l'intérieur des cages.

Tableau 2: Liste des isolats de *Xanthomonas oryzae* pv. *oryza* testés, leur localité de provenance et le mode de culture.

Code Isolats	Localité	Hôte	Ecosystème	
I1	NX43	Saga	IRBB14	Irrigué
I2	NX65	Bonfeba	IRBB51	Irrigué
I3	NX131	Yelwani	<i>Oryza barthii</i>	Irrigué
I4	NX138	Toula	Variété de riz vulgarisée	Irrigué

I5	NX127	Koutoukale	<i>Leersia hexandra</i>	Irrigué
I6	NX102	Namarde	Variété vulgarisée	Irrigué
I7	NX114	Say	Variété vulgarisée	Irrigué
I8	NX172	Say	Variété vulgarisée	Irrigué
I9	NX192	Diomana	Variété vulgarisée	Irrigué
I10	NXa	Diffa	Variété vulgarisée	Irrigué
I11	NXb	Diffa	Variété vulgarisée	Irrigué
I12	NX153	Libore	Variété vulgarisée	Irrigué
I13	NX99	Kirkissoye	Variété vulgarisée	Irrigué
I14	NXc	Sona	Variété vulgarisée	Irrigué
I15	NXd	Daiberi	Variété vulgarisée	Irrigué
I16	NXe	Gaya	<i>O. longistaminata</i>	Irrigué
I17	NXf	Gaya	<i>Dactyloctenium aegyptium</i>	Irrigué
I18	NXg	Gaya	<i>Eulesine indica</i>	Irrigué
I19	NXh	Kokomani	Variété vulgarisée	Irrigué
I20	NX162	N'Dounga	Variété vulgarisée	Irrigué

Paramètres mesurés: Quatorze jours après inoculation, la longueur totale de la feuille et la longueur de la lésion ont été mesurées. Le rapport, longueur de la lésion sur longueur totale de la feuille multiplié par 100, donne le pourcentage de lésions sur la feuille c'est-à-dire la sévérité. Pour toute valeur de la sévérité

inférieure ou égale à 10%, la variété ou lignée est considérée comme résistante, réaction d'incompatibilité (R) (Anonyme, 1996), et sensible, réaction de compatibilité (S) pour les valeurs supérieures (Figure 5).

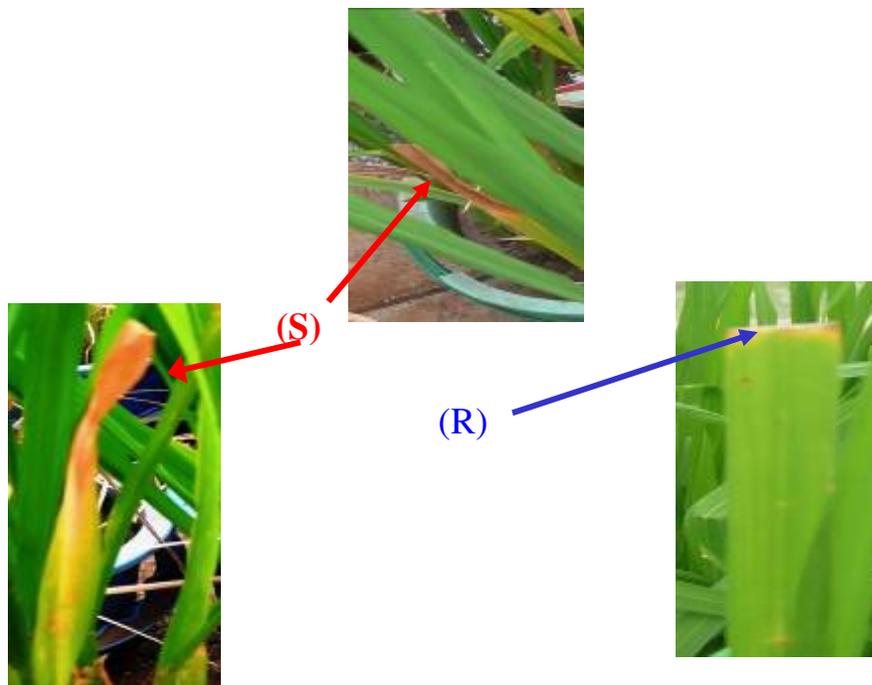


Figure 5: Réactions de compatibilité (S) et d'incompatibilité (R) après inoculation

Analyse des données : Les données sont analysées à l'aide de IRRISTAT et le modèle AMMI habituellement utilisé pour analyser les interactions Génotype x

environnement, (Annicchiarico, 1997; Ebdon & Gauch, 2002) a été appliqué à l'étude des relations entre les isolats et les lignées isogéniques.

RESULTATS

L'analyse de variance des données issues de la confrontation de quinze lignées isogéniques et trois variétés avec 20 isolats de *Xoo* collectés au Niger révèle une différence hautement significative entre les lignées et variétés d'une part et entre les isolats d'autre part. Il existe également une interaction différentielle Variété x Isolats (tableau 3). La comparaison des

moyennes précise le degré de signification des différences entre les isolats. En effet elle a permis de décrire, de façon qualitative, les interactions entre les isolats et les variétés en considérant 10% comme la limite au dessous de laquelle la réaction est considérée comme non compatible traduisant la non virulence de l'isolat et la résistance de la variété (tableau 4).

Tableau 3 Analyse de variance pour le pourcentage de lésion sur 18 lignées et variétés de riz inoculées avec 20 isolats de *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*, 14 jours après inoculation au Niger.

Source de variation	Degré de liberté	Somme des carrés	Somme des carrés moyens	F
Rep (R)	2	246	123	3.61 *
Traitement (T)	359	61101.6	170.2	5.00 **
Variété (V)	17	36452.9	2144.3	63.00 **
Isolat (I)	19	4085.1	215	6.32 **
Vxl	323	20563.7	63.7	1.87 **
Erreur	718	24437.4	34	
Total	1079	85785		

*** = significatif à 1%; * = significatif à 5% "

Quatorze jours après inoculation, seules les lignées dotées des gènes Xa-1, Xa2, Xa-4, Xa7 et la combinaison des gènes xa-5/xa-13 sont résistantes à la plupart des isolats (tableau 5). Par exemple IR-BB1 (Xa1) n'est sensible qu'aux isolats NX172 (venant de Say) et NX138 (issu de Toula), IRBB7 (Xa7) est sensible à NX43 (de Saga), NX65 (de Bonféba) et NX131 prélevé sur *Oryza baarhii* à Yelwani. Les variétés utilisées comme donneur de résistance au RYMV sont sensibles à un grand nombre d'isolats de *Xoo*.

Les isolats NX65, NX138, NX114 et NX172 ont un spectre de virulence large car ils attaquent 12 à 13 lignées ou variétés. En revanche, NXb, NX99, NXg, NXh et X162 ont un étroit spectre de virulence car ils ne présentent de réaction de compatibilité qu'avec 3 à 4 lignées ou variétés. Les isolats prélevés des mauvaises herbes et des espèces riz sauvage (NX131, NX127, NXe, NXt et NXg) se montrent tous pathogènes sur 3 à 11 lignées ou variétés de riz.

Tableau 4 : Expression qualitative de la réponse des lignées et variétés du riz face aux isolats des *Xanthomonas oryzae* pv *oryzae*.

Xa gènes	Isolats																			
	I1	I2	I3	I4	I5	I6	I7	I8	I9	I10	I11	I12	I13	I14	I15	I16	I17	I18	I19	I20
Xa-1	R	R	R	S	R	R	R	S	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R
Xa-2	S	S	R	S	R	S	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R
Xa-3	S	S	S	S	R	S	R	S	R	S	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R
Xa-4	R	S	R	S	R	R	R	S	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R
xa-5	S	S	S	S	R	S	S	S	R	S	R	R	R	R	R	S	R	R	R	R
Xa-7	S	S	S	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	S
xa-8	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	R	R	R	R	S	R	R	R	R	R
Xa-10	S	R	S	S	R	R	S	S	R	R	R	R	R	R	R	S	R	R	R	R
Xa-11	S	S	S	R	R	R	S	S	S	R	R	R	R	R	R	S	R	R	R	R
xa-13	R	S	S	S	S	R	S	S	S	R	R	S	R	R	R	S	R	R	R	R
Xa-14	R	S	R	R	S	R	S	R	S	R	R	R	R	R	S	S	S	R	R	R
Xa-18	S	R	S	S	R	R	S	S	R	S	R	S	R	R	S	S	S	R	R	R
Xa-21	R	R	R	R	S	R	S	S	S	S	R	R	S	R	S	S	R	R	R	R
xa-5/xa-13	R	R	R	R	R	R	S	R	S	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R
xa-5/xa-13/Xa-21	R	R	R	S	R	S	S	R	R	S	S	R	R	R	R	S	R	R	R	S
PNA	S	S	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
Gigante	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
TOG 5681	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	R
Spectre de virulence	11	12	10	13	7	8	13	13	9	9	4	5	4	3	7	10	5	3	3	4

Sur base ANOVA >10 = S

Tableau 5: Spectre de virulence et agressivité des isolats et sous groupes d'isolats de *Xanthomonas oryzae* pv *oryzae* identifiés au Niger.

Pathotypes	Sous groupes	Isolats	Spectre virulence	Agressivité (%)	Moyenne (%)	
XNgP1	XNgP1a	NX43	11	61,1	61,1	
		NX131	10	55,55		
		NX165	12	66,66		
	XNgP1b	NX138	12	66,66	69,44	
		NX172	13	72,22		
	XNgP1c	NX114	NX114	13	72,22	63,88
			NXe	10	55,55	
		NX125	7	38,88		
	XNgP2	XNgP2a	NX192	9	50	42,58
			NXd	7	38,88	
NXb			4	22,22		
NXc			3	16,66		
XNgP2b		NXg	NXg	3	16,66	24,44
			NXh	3	16,66	
			NX99	4	22,22	
		NX153	NX153	5	27,77	
			NXf	5	27,77	
			NX162	4	22,22	
XNgP2c	NX102	8	44,44	47,22		
	Nxa	9	50			

L'analyse selon le modèle AMMI indique que les 20 isolats se subdivisent en 2 principaux pathotypes (tableau 5, figure 6). Le pathotype XNgP1, se compose de trois sous-groupes : XNgP1a composé de 3 isolats NX43, NX131 et NX65 ; XNgP1b composé de NX138 et NX172 ; et XNgP1c composé de NX114 et de NXe. Il peut attaquer jusqu'à 13 génotypes (tableau 5). Les sévérités moyennes varient de 6,4 à 13,8% dans ce groupe. Il est retrouvé dans les localités de Saga, Bonféba, Yelwani, Toula, Say et Gaya (figure 7). Le pathotype XNgP2 est également composé de trois sous groupes : XNgP2a composé de 3 isolats compatibles à 7 à 9 génotypes ; le XNgP2b constitué de 8 isolats compatibles à 3 à 5 génotypes et enfin le XNgP2c constitué des isolats NX162 et NXa qui attaquent 8 à 9 génotypes. Le pathotype XNgP2 se retrouve dans les

localités de Koutoukalé, Diomana, Daibéri, Diffa, Sona, Gaya, Kokomani, Kirkissoye, Diffa, Liboré, N'Dounga et Namardé. Les valeurs moyennes de la sévérité varient de 6,1 à 10,1% dans ce pathotype. Ce pathotype est peu virulent et peu agressif (tableau 5)

Les lignées ou variétés testées se répartissent en quatre groupes (figure 8). Le groupe des résistant (R) constitué des gènes de résistance Xa-1, Xa-4, Xa-2, Xa-7 et de la combinaison de gènes xa-5/xa-13. Le groupe des moyennement résistant (MR) constitué des gènes de résistance Xa-3 ; xa-5, xa-8, Xa-10, Xa-11, xa-13, Xa-18 et de la combinaison des gènes xa-5/xa-13/Xa-21. Le groupe des moyennement sensibles composées des gènes Xa-14 et Xa-21, tandis que le groupe des sensibles (S) constitué des variétés PNA647F4-56, Gigante et TOG5681.

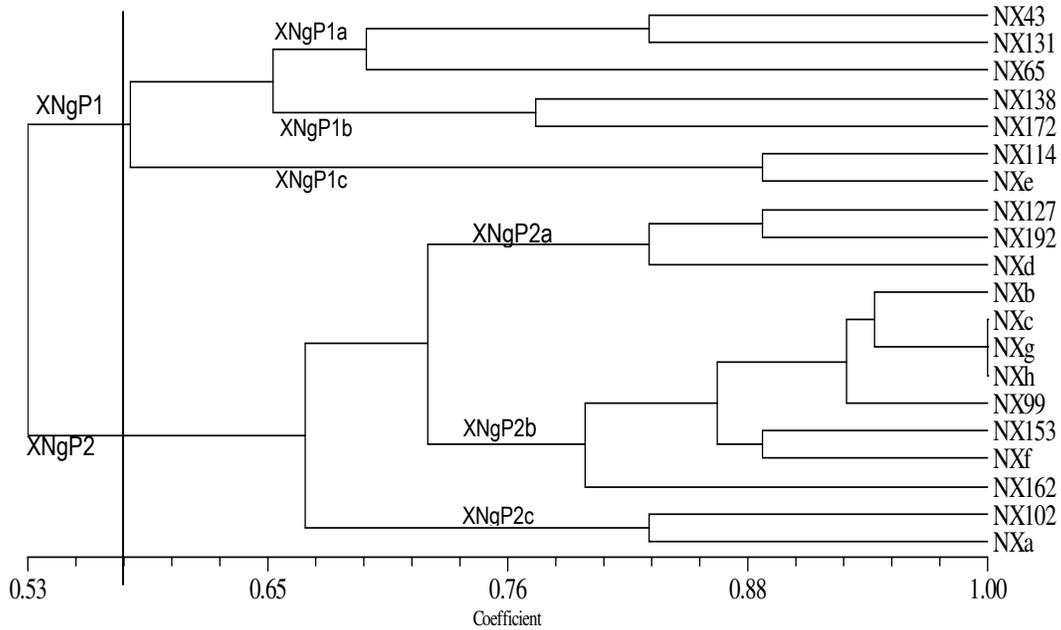


Figure 6: Dendrogramme montrant les différents pathotypes des isolats de *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* du Niger comme révélé par l'analyse AMMI.

Légende: I1 = NX43, I2 = NX65, I3 = NX131, I4 = NX138, I5 = NX127, I6 = NX102, I7 = NX114, I8 = NX172, I9 = NX192, I10 = NXa, I11 = NXb, I12 = NX153, I13 = NX99, I14 = NXc, I15 = NXd, I16 = NXe, I17 = NXf, I18 = NXg, I19 = NXh, I20 = NX162.

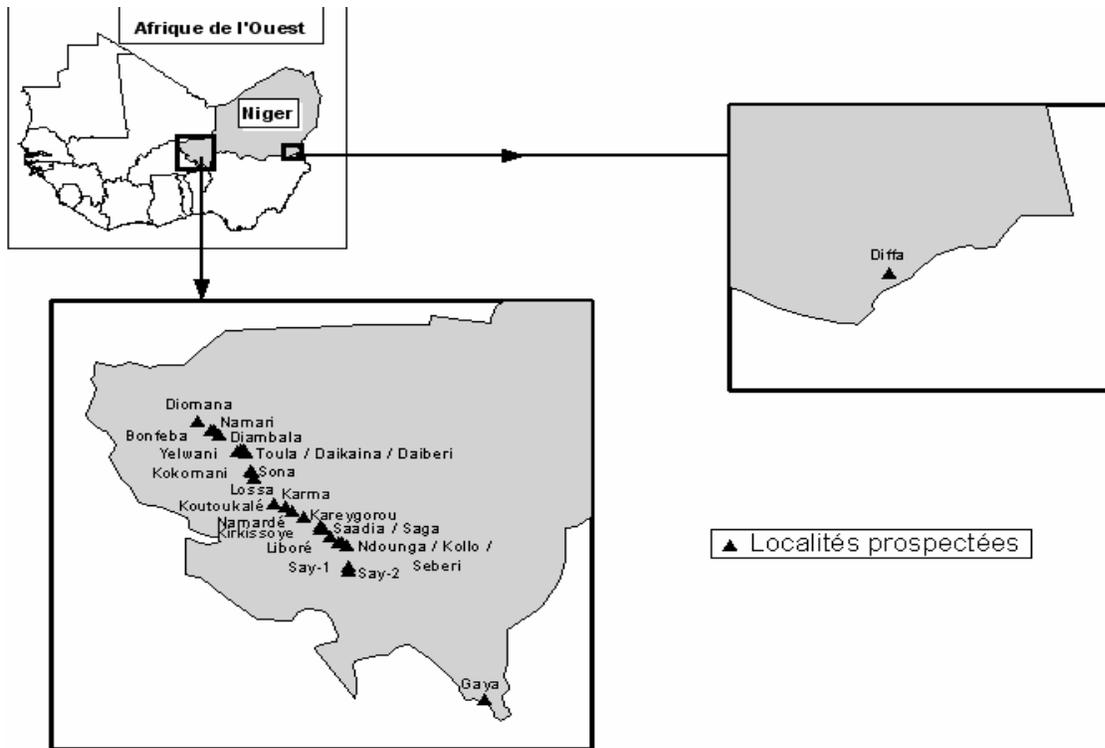


Figure 7 : Carte de distribution du flétrissement bactérien du riz au Niger

DISCUSSION

L'existence d'une interaction significative entre les lignées isogéniques pourvues de gènes de résistance connus et les 3 variétés d'une part et les 20 isolats de *Xoo* provenant de divers hôtes et prélevés au sein de 16 périmètres irrigués situés le long du fleuve Niger et des berges de la Komadougou Yobé à l'extrême Est du pays, indique que les relations hôte pathogènes sont du type vertical au sens de Onasanya *et al.* (2009). En conséquence les isolats diffèrent par leur virulence et les variétés ou lignées par leur résistance verticale, ce qui confirme des relations gènes pour gène entre le riz et l'agent responsable du flétrissement bactérien (Wu *et al.*, 2007)

Le profil de réponse obtenu fait apparaître 2 groupes majeurs de virulence ou pathotypes, constitués au total de 6 sous groupes. Onasanya *et al.* (2009), ont également observé 2 pathotypes majeurs qui se subdivisent en 5 sous groupes lors de l'étude de la diversité pathologique des isolats issus de 7 pays de l'Afrique de l'ouest. Par contre, Gonzalez *et al.* (2007) ont fait cas de 3 races lors de la caractérisation d'isolats de *Xoo* originaires de l'Afrique de l'ouest et que seule la race A1 se retrouverait au Niger.

La grande diversité de la structure des populations au Niger est probablement due aux interactions entre les isolats et à des mutations continues grâce à des échanges permanents de matériel génétique. En effet comme l'indiquent Gonzalez *et al.* (2007), l'intensification, un paramètre clé pour l'évolution des populations, est récente en Afrique de l'Ouest et par

CONCLUSION ET PERSPECTIVES

La structure des populations de *Xoo* au Niger se caractérise par la présence de 2 pathotypes qui se subdivisent en 6 sous groupes dont certains connaissent une large distribution et d'autres qui demeurent spécifiques à 1 ou 2 localités. Les gènes Xa-1, Xa-4, Xa-7 et la combinaison des gènes xa-5/xa-13 sont résistants à la plupart des pathotypes identifiés. De telles informations sont essentielles pour la gestion de la maladie si toutefois elle est basée sur l'utilisation de la résistance variétale qui s'avère être, pour l'instant, la méthode de lutte la plus fiable. Cependant la résistance monogénique n'est pas durable. Les efforts seront orientés pour tester des

ailleurs, la sélection pour la résistance au flétrissement bactérien qui exerce une pression adaptative au sein des populations de *Xoo* est inexistante (Jeung *et al.*, 2006; Niño-Liu *et al.*, 2006). Signalons à cet effet que les fortes infestations par le flétrissement bactérien n'ont été observées que très récemment avec l'introduction de génotypes relativement résistants à la panachure jaune du riz.

Parmi les 2 pathotypes, XNgP1 est le plus virulent, il attaque jusqu'à 13 des 18 génotypes utilisés dans cette étude. Les gènes Xa-1, Xa-4, Xa2, Xa-7 et la combinaison des gènes xa-5/xa-13 sont résistants à un grand nombre d'éléments de la population pathogène, ils sont ainsi de toute évidence de sérieux candidats pour un futur redéploiement dans les zones de production du riz au Niger. Gonzalez *et al.* (2007) ont aussi démontré l'incompatibilité des gènes Xa-4 et Xa-7 avec les trois races identifiées en Afrique.

Les gènes récessifs xa-5, xa-8 et xa-13 se sont montrés moyennement résistants avec des profils de réponse variables. Des résultats similaires ont été enregistrés en Asie où des interactions différentielles ont été observées avec ces gènes face aux isolats auxquels ils sont confrontés (Jalaluddin *et al.*, 2005 ; Liu *et al.*, 2007). Par contre, Adhikari *et al.* (1999), ont noté que les gènes xa-5 et xa-8 sont totalement inefficaces face aux groupes de virulence en présence. En Afrique, Gonzalez *et al.* (2007) ont observé que xa-13 et xa-8 présentent des interactions différentielles avec les 3 races alors que xa-5 se révèle résistant.

lignées pyramidées qui ont un large spectre et un niveau de résistance élevé par rapport aux lignées dotées d'un seul gène de résistance (Aye *et al.* 2007). En outre, pour rendre cette étude beaucoup plus efficiente, elle doit être poursuivie avec un plus grand nombre d'isolats qui seront collectés sur l'ensemble des périmètres irrigués du pays et qui devront provenir de tous hôtes alternatifs identifiés. En plus, la seule connaissance de la diversité pathologique ne suffit pas à expliquer la structure des populations, elle doit être complétée par l'étude de la diversité génétique.

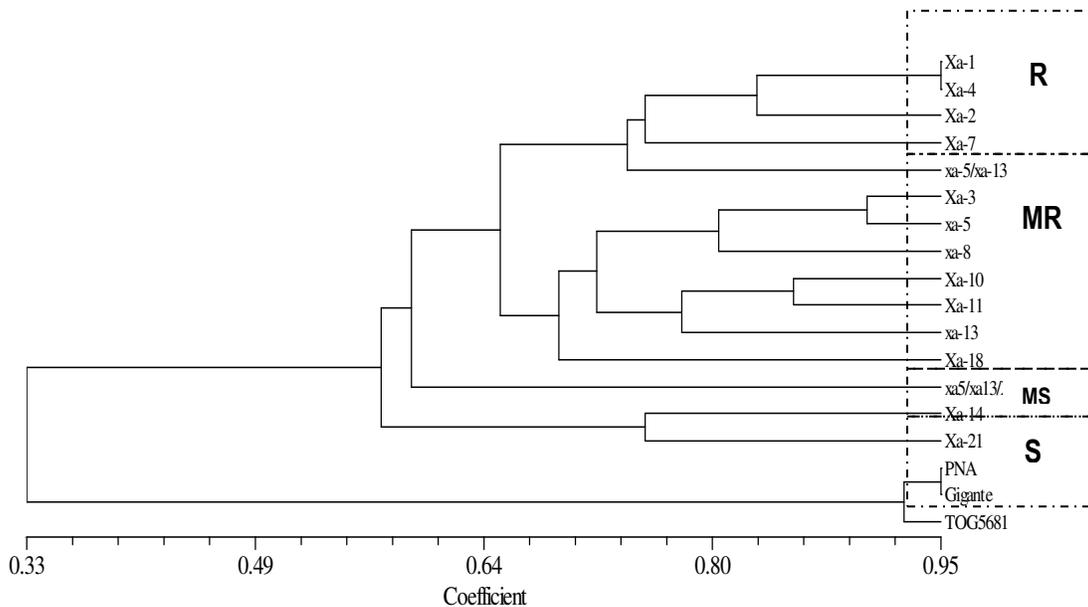


Figure 8 : Dendrogramme illustrant le niveau de résistance des différents cultivars face à 20 isolats de Xoo comme révélées par l'analyse AMMI.

Légende: V1 = IR-BB1, V2 = IR-BB2, V3 = IR-BB3, V4 = IR-BB4, V5 = IR-BB5, V6 = IR-BB7, V7 = IR-BB8, V8 = IR-BB10, V9 = IR-BB11, V10 = IR-BB13, V11 = IR-BB14, V12 = IR24, V13 = IR-BB21, V14 = IR-BB53, V15 = IR-BB59, V16 = PNA647F4-56, V17 = Gigante, V18 = TOG5681.

REMERCIEMENTS

Les auteurs remercient la GTZ pour le financement du travail ; IRRRI pour la fourniture des lignées isogéniques.

M. Soton George, AfricaRice pour l'assistance technique

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Adhikari TB, Mew TW, Teng PS, 1994. Progress of bacterial blight on rice cultivar carrying different Xa genes for resistance in the field. *Plant Disease* 78: 73-77.
- Adhikari TB, Basnyat RC, Mew TW, 1999. Virulence of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* on rice lines containing single resistance genes and gene combination. *Plant Disease* 83: 46-50.
- Annicchiarico P, 1997. Joint regression vs. AMMI analysis of genotype-environment interactions for cereals in Italy. *Euphytica* 94:53-62.
- Anonymous. 1996. *Agriculture Statistics of Pakistan* (Govt. of Pakistan). Ministry of Food, Agriculture and Livestock. Food, Agriculture and livestock Division (Economic Wing) Islamabad. 13-17.
- Aye, S.S., Matsumoto, M., Kaku, H., Goto, T., Furuya, N., and Yashimura, A. 2007. Evaluation of resistance in rice plants to Myanmar isolates of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*. *Journal of the faculty of Agriculture, Kyushu University* 52 : 17-21.
- Dardick C, da Silva FG, Shen Y, Ronald P, 2003. Antagonistic interactions between strains of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*. *Phytopathology* 93:705-711.
- Ebdon JS. and Gauch HG, 2002. Additive main effect and multiplicative interaction analysis of national turfgrass performance trials: I. Interpretation of genotype by environment interaction. *Crop Science* 42: 489-496.
- Gonzalez C, Szwek B, Manceau C, Mathieu T, Séré Y, Verdier V, 2007. Molecular and pathotypic characterization of new *Xanthomonas oryzae* strain from West Africa. *Molecular Plant-Microbe Interactions* 20: 534-546.
- Gu K, Yang B, Tian D, Wu L, Wang D, Sreekala C, Yang F, Chu Z, Wang GL, White FF, Yin Z, 2005. R gene expression induced by a type-III effector triggers disease resistance in rice. *Nature* 435:1122-1125.
- Jalaluddin M, Yamamoto T, Nakai H, Tsuyumu S, 2005. Pathogenic variability and DNA Fingerprinting of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* from

- Bangladesh. Sabrao Journal of Breeding and Genetics 37:1-11.
- Jeung JU, Heu SG, Shin MS, Vera Cruz CM, Jena KK, 2006. Dynamics of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* populations in Korea and their relationship to known bacterial blight resistance genes. Phytopathology 96:867-875.
- Kuljit KC, Navjit KG, Yogesh V, Rajiv S, Jagjeet SL, Aparna D, Dharminder B, Ritu M, Vikas G, Tajinder B, Luldeep S, 2008. A novel bacterial blight resistance gene from *Oryza nivara* mapped to 38 kb region chromosome 4L and transferred to *Oryza sativa* L. Genetic Research Cambridge 90: 397-407.
- Lee, KS, Rasabandith S, Angeles, ER, Khush GS, 2003. Inheritance of resistance to bacterial blight in 21 cultivars of rice. Phytopathology 93:147-152.
- Liu H, Yang W, Hu B, Liu F, 2007. Virulence analysis and race classification of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* in China. Phytopathology 155: 129-135.
- Niño-Liu DO, Ronald PC, Bogdanove AJ, 2006. *Xanthomonas oryzae* pathovars: Model pathogens of a model crop. Molecular Plant Pathology 7: 303-324.
- Onasanya A, Ekperigin MM, Nwilene FE, Sere Y, Onasanya RO, 2009. Two pathotypes of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* virulence identified in West Africa. Current Research in Bacteriology 2: 22-35.
- Ou SH, 1985. Rice Diseases. Commonwealth Mycological Institute Kew, Surrey, England.
- Reckhauss PM, 1983. Occurrence of bacterial leaf blight of rice in Niger, West Africa. Plant Disease 67: 1039.
- Reckhauss PM. and Adamou I, 1986. Rice diseases and their economic importance in Niger. FAO Plant Protection Bulletin 34: 77-82.
- Séré Y, Onasanya A, Verdier V, Akator K, Ouedrago LS, Segda Z, Coulibaly MM, Sido AY, d Basso A, 2005. Rice Bacterial Leaf Blight in West Africa: Preliminary studies on disease in Farmers Field and Screening released Varieties for Resistance to the bacteria. Asian Journal of Plant Sciences 4: 577-579.
- Swings J, Van Den Mooter M, Vauterin L, Hoste B, Gillis M, Mew, T W, Kersters K, 1990. Reclassification of the causal agents of bacterial blight *Xanthomonas campestris* pathovar *oryzae* and bacterial leaf streak *Xanthomonas campestris* pathovar *oryzicola* of rice as pathovars of *Xanthomonas oryzae* new. International Journal of Systemic Bacteriology 40:309-311.
- Wu XM, Li Y R, Zou LF, Chen GY, 2007. Gene-for-gene relationships between rice and Diverse *avrBs3/pthA* avirulence genes in *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*. Plant Pathology 56: 26–34.