

Variabilité génétique, d'histoire de vie et d'infection des populations de l'orobanche rameuse en France

Stéphanie Gibot-Leclerc, Fabrice Dessaint, Carole Reibel, Valérie Le Corre

► **To cite this version:**

Stéphanie Gibot-Leclerc, Fabrice Dessaint, Carole Reibel, Valérie Le Corre. Variabilité génétique, d'histoire de vie et d'infection des populations de l'orobanche rameuse en France. Colloque l'orobanche rameuse CETIOM, Jun 2013, Poitiers, France. pp.1-8. hal-01951478

HAL Id: hal-01951478

<https://hal-agrosup-dijon.archives-ouvertes.fr/hal-01951478>

Submitted on 11 Dec 2018

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

VARIABILITE GENETIQUE, D'HISTOIRE DE VIE ET D'INFECTION DES POPULATIONS DE L'OROBANCHE RAMEUSE EN FRANCE

Stéphanie Gibot-Leclerc^{a,*}, Fabrice Dessaint^b, Carole Reibel^a et Valérie Le Corre^b

^a AgroSup Dijon, UMR1347 Agroécologie, F-21000, Dijon, France

^b INRA, UMR1347 Agroécologie, F-21000, Dijon, France

Résumé

L'orobanche rameuse est une Angiosperme holoparasite épirhize qui infecte une large gamme de cultures annuelles. Selon la culture hôte, la durée de son cycle peut varier de 14 semaines (sur tomate/tabac) à 40 semaines (sur colza). Nous avons mené une expérimentation d'infections croisées afin d'évaluer l'intensité et la cinétique d'infection de populations d'orobanche. Deux populations du parasite, *P-long* collectée sur le colza et *P-short* collectée sur le tabac, ont été cultivées sur deux cultures (colza et tomate). Après, 4, 8, 12 et 16 semaines de culture, l'intensité d'infection et la distribution des stades de développement de l'orobanche ont été déterminées. Les deux populations d'orobanche ont montré des profils distincts d'intensité et de cinétique d'infection. Le taux de succès d'infection de *P-long* a été plus élevé que celui de *P-short* au cours des premiers stades. Les deux populations du parasite ont montré une agressivité plus élevée sur leurs hôtes naturels que sur leurs hôtes non naturels. Seule la population *P-short* a terminé son cycle de vie sur les deux hôtes, et avec des taux de développement similaires sur les deux hôtes, tandis que la population *P-long* n'a pas pu terminer son cycle de vie au cours des 16 semaines de l'expérimentation. Nous avons ainsi mis en évidence que le changement dans la spécificité d'hôte ayant permis à *P. ramosa* d'infecter le colza depuis le début des années 1990 a conduit à une divergence de pathovars possédant des durées de cycle de vie différentes.

Mots-clés: *Phelipanche ramosa*; infections croisées; pathovar; plante parasite; spécificité d'hôte

1. Introduction

Parmi les plantes parasites, les plantes holoparasites sont dépourvues d'activité photosynthétique et dépendent entièrement de leurs hôtes pour leur nutrition (Sauerborn, 1991 ; Parker et Riches, 1993 ; Bouwmeester *et al.*, 2003; Rispail *et al.*, 2007). Pour ces espèces, deux traits de vie peuvent avoir une incidence sur leurs performances au niveau des populations : (1) la gamme d'hôtes ou la capacité d'infecter une large gamme de plantes avec plus ou moins d'efficacité et (2) l'histoire de vie ou la capacité de se développer et compléter leur cycle de vie avant la mort de leur hôte (Schneeweiss, 2007). La majorité des orobanches (*Orobanche* et *Phelipanche* spp), holoparasites épirhizes, possède une gamme étroite d'hôtes et se développe sur des plantes hôtes vivaces. Ces espèces se trouvent généralement dans les écosystèmes naturels (Teryokhin, 1997). En revanche, quelques espèces sont devenues des mauvaises herbes spécialisées dans l'infection de cultures annuelles dans les écosystèmes humains perturbés engendrant des pertes de rendement de 5 à 100% (Press et Graves, 1995; Press et Phoenix 2005 ; Joel *et al.*, 2007). Parmi elles, différents profils de spécificité d'hôte ont été rapportés : *Orobanche cumana* infecte préférentiellement le tournesol (Echevarría-Zomeño *et al.*, 2006 ; Molinero-Ruiz *et al.*, 2008) tandis qu'*O. minor* et *Phelipanche ramosa* possèdent un large spectre d'hôtes potentiels (Rumsey et Jury, 1991 ; Gibot-Leclerc *et al.*, 2003, 2012 ; Benharrat *et al.*, 2005 ; Thorogood *et al.*, 2008, 2009).

Phelipanche ramosa (L.) Pomel, qui est essentiellement autogame (Parker et Riches, 1993), est principalement observée sur la tomate dans les pays du bassin méditerranéen (Joel *et al.*, 2007). En Europe centrale, *P. ramosa* s'est surtout développée sur le tabac et le chanvre (Buschmann *et al.*, 2005). Le colza semble être un nouvel hôte préférentiel de *P. ramosa* avec une augmentation des parcelles infectées en Bulgarie, France, Italie et Espagne (Benharrat *et al.*, 2005 ; Parker, 2009). En France, une extension massive de *P. ramosa* dans les parcelles de colza a été observée depuis le début des années 1990 (Gibot-Leclerc *et al.*, 2003). Cette culture est même devenue l'hôte principal du parasite avec le tabac, le chanvre et le sarrasin (Benharrat *et al.*, 2005 ; Brault *et al.*, 2007). Selon son hôte, le parasite montre des traits d'histoire de vie très contrastés et des durées variables de cycle de vie. Sur colza, *P. ramosa* a un cycle de

vie de 40 semaines, tandis qu'il dure de 14 à 16 semaines sur tabac, tomate, sarrasin, chanvre et seulement 45 jours sur *Arabidopsis thaliana* (Kogan, 1994 ; Labrada, 1994 ; Neumann et Sallé, 2000 ; Brault et al., 2007 ; Gibot-Leclerc et al., 2012). *Phelipanche ramosa* semble ajuster étroitement la durée de son cycle à celui de son hôte. Bien que des facteurs environnementaux comme la température (Eizenberg et al., 2004) ou la photopériode (Holdsworth et Nutman, 1947) pourraient influencer sur la durée du cycle de vie de *P. ramosa*, il est probable que ce trait soit principalement contrôlé par des interactions hôte-parasite permettant au parasite de maximiser l'absorption des ressources de l'hôte et son succès reproducteur (Press et Graves, 1995). La variation de la durée du cycle de vie sur différents hôtes peut également résulter de la plasticité de réponse d'un parasite généraliste à une large gamme d'hôtes. Alternativement, il peut contribuer à la divergence génétique entre pathovars avec des spécificités d'hôtes distinctes.

Par le passé, des populations distinctes de *P. ramosa* ont été différenciées au moyen de traits morphologiques (Vinogradov *et al.*, 1981, 1984 ; Musselman et Parker, 1982 ; Cubero, 1986). Plus récemment, l'utilisation de techniques moléculaires a permis de caractériser différentes populations *P. ramosa*. Benharrat *et al.* (2005) ont étudié l'agressivité de certaines populations françaises de *P. ramosa* vis-à-vis de leurs plantes hôtes potentielles. Il a été observé une variation significative de l'agressivité compatible avec l'existence d'au moins deux pathovars identifiés par marqueurs moléculaires : le pathovar A caractérisé par un hôte unique, le colza et le pathovar B caractérisé par une gamme d'hôtes (tabac, chanvre, sarrasin) (Benharrat *et al.*, 2005). Par ailleurs, les infections croisées et l'utilisation de marqueurs RAPD ont révélé la possible existence de trois pathovars distincts au sein de l'espèce *P. ramosa* parasitant respectivement le chanvre, le tabac et le colza en France (Brault *et al.*, 2007). L'intensité de l'infection de ces pathovars varie fortement en fonction de l'hôte et de l'identité génétique du parasite mais montre toujours une agressivité plus élevée sur l'hôte naturel (Brault *et al.*, 2007).

Notre objectif a été de déterminer si les différences de durées de cycle de vie de *P. ramosa* sont principalement déterminées par sa propre identité génétique (pathovar) ou conduites par son hôte (synchronisation du cycle de vie du parasite avec celui de son hôte). Nous avons utilisé deux populations de *P. ramosa* que nous avons caractérisées par leur variation génétique à un gène candidat impliqué dans la durée du cycle de vie. Une expérimentation d'infections croisées a été menée afin de comparer le succès de l'infection des deux populations parasites sur deux espèces hôtes contrastant par leur durée de vie : sur une culture à cycle long (colza) et sur une culture à cycle court (tomate). La répartition temporelle des stades de développement du parasite et l'intensité de l'infection ont été évaluées.

2. Matériel et méthodes

Les graines du parasite ont été collectées à partir de populations naturelles de *P. ramosa* ayant fortement infecté des parcelles de colza (culture à cycle long de 40 semaines) et de tabac (culture à cycle court, 16 semaines). Pour ces deux populations, les génotypes sont identiques à ceux de l'étude de Brault *et al.* (2007). Deux échantillons de graines de *P. ramosa* ont été préparés : "P-long" et "P-short". Les plantes hôtes utilisées pour les infections avec *P-long* et *P-short* ont été choisies pour leur importante sensibilité à *P. ramosa* : le colza (Gibot-Leclerc *et al.*, 2003) et la tomate (Joel *et al.*, 2007), respectivement. La durée du cycle du colza (40 semaines) étant 2,5 fois plus longue que le cycle de la tomate (16 semaines).

Nous avons étudié les variations moléculaires à un homologue du gène FT d'*Arabidopsis thaliana* qui a un rôle central dans le contrôle du développement et de la floraison et qui est très conservé chez les Angiospermes (Ballerini et Kramer, 2011). Nous avons identifié un homologue de FT chez *P. aegyptiaca* (<http://ppgp.huck.psu.edu/>). L'amplification par PCR et le séquençage d'une partie du gène ont été effectués pour nos deux populations de *P. ramosa*, pour des échantillons des pathovars A et B (Benharrat *et al.*, 2005 - semences fournies par Philippe Simier) et pour dix populations de *P. aegyptiaca* (fournies par Georges Sallé). L'alignement de séquences a été réalisé avec le logiciel MEGA5 (Tamura *et al.*, 2011).

Pour les infections croisées associant nos deux populations de *P. ramosa* (*P-long* et *P-short*) avec les deux espèces hôtes (le colza et la tomate), nous avons appliqué la méthode décrite par Brault *et al.* (2007) avec quelques modifications. Le développement de *P. ramosa* sur les racines de colza et de tomate a été étudié pendant 16 semaines car le pathosystème *P. ramosa*/colza ne se cultive pas plus longtemps en conditions contrôlées en pots (Zehhar *et al.*, 2003, Benharrat *et al.* 2005, Brault *et al.*, 2007). Pour évaluer la cinétique d'infection de *P. ramosa*, 8 plantes hôtes de chaque traitement ont été déterrées après 4, 8, 12 et 16 semaines. L'intensité de l'infection a été estimée en comptant le nombre de stades de

développement de *P. ramosa* fixées sur les racines de l'hôte selon la nomenclature de Gibot-Leclerc *et al.* (2012).

La répartition des stades de développement a été comparée avec un test du χ^2 . Les analyses statistiques ont été effectuées avec la version 2.15.1 du logiciel R (R Core Team, 2012).

3. Résultats

Variation génétique de *P. ramosa* à un gène de floraison

Dans la partie codante de l'homologue FT, nous avons uniquement observé des changements nucléotidiques fixés entre *P. ramosa* et *P. aegyptiaca* et aucun polymorphisme intraspécifique. Les changements observés étaient tous synonymes, soulignant la nature conservée du gène. La région 5 'du gène contenait un motif poly-A qui était variable entre les deux espèces et aussi à l'intérieur de *P. ramosa*. Les lignées séquencées de *P. aegyptiaca* contenaient tous un motif (A) 5. Pour *P. ramosa*, un motif (A)8 a été observé à la fois pour notre échantillon *P-long* et le pathovar A tandis qu'un motif (A)7 a été observé dans notre échantillon *P-short* et le pathovar B. Les résultats du séquençage ont ainsi montré l'existence d'une différenciation génétique entre nos deux populations *P-long* et *P-short* analogues à la différenciation génétique décrite précédemment entre les pathovars A et B (Benharrat *et al.*, 2005).

Différences d'intensité d'infection entre les populations de *P. ramosa*

Bien que nos deux populations puissent infecter et se développer avec succès sur le colza et la tomate, nous avons observé d'importantes différences d'intensité d'infection : plus de 1800 individus ont été dénombrés sur les racines hôtes pour l'association *P-long/colza* et une intensité de *P-long* sur la tomate beaucoup plus faible mais tout de même plus élevée que les intensités observées pour *P-short* sur le colza ou sur la tomate (Tableau 1). Dans l'ensemble, les intensités d'infection observées pour *P-long* étaient plus de deux fois supérieures à celles observées pour *P-short*. Quel que soit l'hôte, nos deux populations commencent à infecter les racines hôtes en même temps (Tableau 1). Après 4 semaines, l'infection par *P-long* et *P-short* était faible. Un mois plus tard, l'infection atteint le plus haut niveau, en particulier pour l'association *P-long/colza*. Enfin, à 12 et à 16 semaines, le nombre total d'individus fixés pour les deux populations de *P. ramosa* a diminué plus ou moins rapidement en fonction de l'association orobanche/plante hôte.

Tableau 1.

Nombre total d'individus pour les deux populations (*P-long* et *P-short*) infectant le colza et la tomate. Les associations hôte-parasite naturelles sont indiquées en gris. Les valeurs des données représentent le nombre total d'individus parasites (tous stades confondus) récoltés sur les 8 plantes hôtes à 4, 8, 12 et 16 semaines.

		Temps (en semaines)				
Population de <i>P. ramosa</i>	Hôte	4	8	12	16	Total
<i>P-long</i>	Colza	158	1230	258	178	1824
	Tomate	59	451	157	146	813
<i>P-short</i>	Colza	46	191	112	86	435
	Tomate	58	316	244	72	690

Intensités d'infection selon la préférence d'hôte

Nous avons observé des différences d'intensité d'infection d'une population parasite en fonction de son hôte. Pour *P-long* et *P-short*, le nombre d'individus était plus élevé pour les infections naturelles (colza et tomate, respectivement) que les non-naturelles (tomate et colza, respectivement) : diminution de 50% de l'infection sur l'hôte étranger (tomate) que sur l'hôte naturel (colza) dans le cas de *P-long* (Tableau 1). Néanmoins, pour *P-long*, la diminution beaucoup plus marquée entre la semaine 8 et la semaine 12 sur colza par rapport à la tomate (Tableau 1) suggère que l'hôte naturel peut résister au parasite. Un schéma

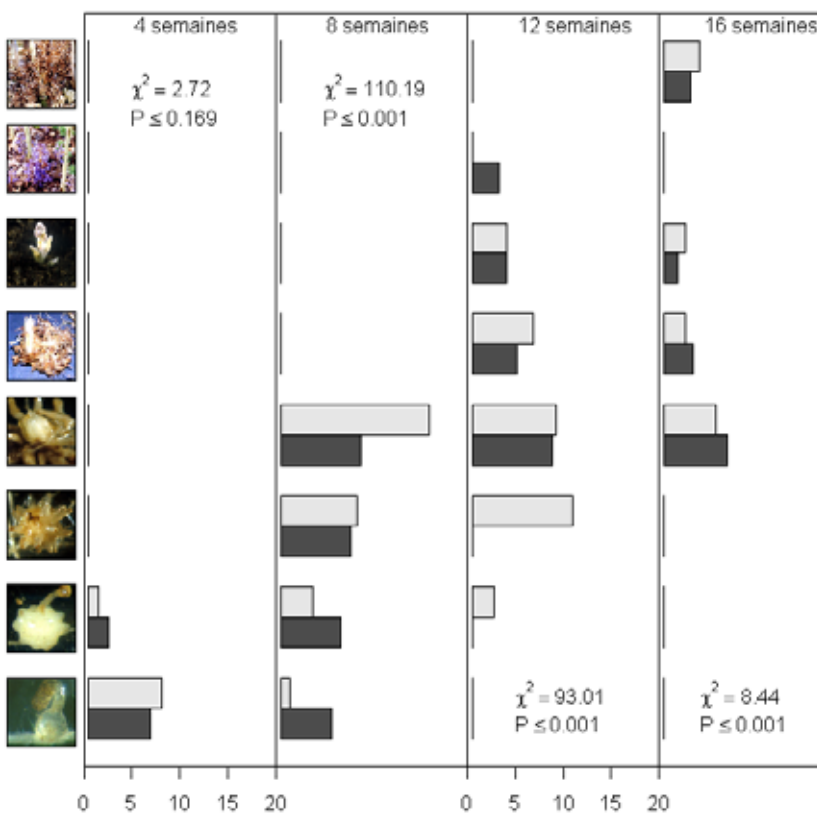
similaire de préférence hôte a été observé pour *P-short* (Tableau 1) ce qui signifie que la tomate peut aussi développer une certaine résistance à la population *P-short*.

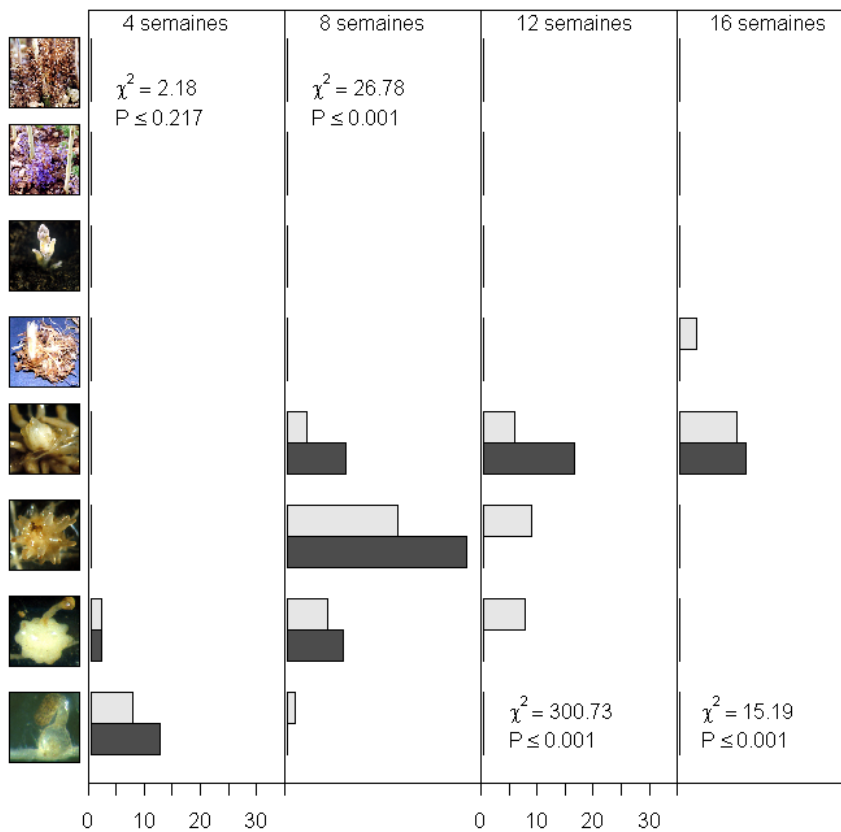
Variation du cycle de vie de *P. ramosa*

La Figure 1 montre la dynamique d'infection de chaque population sur chaque hôte. Malgré son plus faible succès d'infection pendant toute la durée de l'expérimentation, seul *P-short* peut terminer son cycle de vie et produire les stades reproducteurs sur les deux hôtes (tomate et colza, Figure 1A). Inversement, *P-long* n'a pas pu terminer son cycle de vie au cours de la durée de l'expérimentation (16 semaines), quel que soit l'hôte (Figure 1B). L'analyse des résultats suggère que la population *P-long* possède un taux de mortalité élevée au stade bourgeon sur son hôte naturel (colza) pouvant être causée par un changement dans le phénotype de la plante hôte i.e. des mécanismes de résistance. Pour chaque population *P. ramosa*, nous avons testé si la distribution des stades de développement diffère entre les deux espèces hôtes. Pour *P-short*, les différences significatives entre hôtes varient dans leur direction au cours du temps (développement plus avancé sur la tomate à 8 et 16 semaines, mais plus avancé sur le colza à 12 semaines, Figure 1A) ce qui signifie que dans l'ensemble, le cycle de vie de *P-short* n'a pas montré un comportement spécifique en fonction de l'hôte. *P-long* avait un développement plus avancé sur le colza par rapport à la tomate à 8 et 12 semaines. A 16 semaines, les stades les plus avancés ont été observés sur la tomate parce que le développement n'a pas dépassé le stade 4 sur le colza.

Figure 1. Distribution des stades de développement de *P-short* (A) et de *P-long* (B) sur le colza (gris foncé) et la tomate (gris clair).

Valeur (χ^2) et probabilité (P) du test du χ^2 . Les valeurs sur l'axe des abscisses correspondent aux racines carrées du nombre d'individus observés. Les stades sont, de bas en haut : S1 : fixation, S2 : jeune tubercule, S3 : tubercule âgé, S4 : bourgeon, S5 : tige souterraine, S6 : émergence, S7 : floraison et S8 : fructification. Note: les échelles ne sont pas les mêmes sur les deux figures.





4. Discussion

L'objectif de cette étude était de déterminer si les différences de durée du cycle de vie observées sur le terrain entre les populations de *P. ramosa* infectant différentes cultures sont dues à une synchronisation du cycle du parasite avec celui de l'hôte ou si elles sont principalement déterminées par la spécificité génétique de chaque population. En utilisant les données de séquences d'ADN à un homologue du gène FT chez *A. thaliana*, nous avons confirmé que nos populations *P-long* et *P-short* sont génétiquement différentes. Nos résultats concordent avec ceux de Benharrat *et al.* (2005) ce qui suggère que nos populations *P-long* et *P-short* sont génétiquement identiques aux pathovars A et B, respectivement (Benharrat *et al.*, 2005).

Avec les infections croisées, nous avons montré que la durée du cycle de vie du parasite est déterminée par les populations de *P. ramosa* (*P-long* par rapport à *P-short*) et non par le cycle de vie de l'hôte. Seule *P-short* prélevée sur une culture à cycle court (tabac) a pu compléter son cycle de vie à la fois sur l'hôte naturel (tomate, une Solanaceae à cycle court comme le tabac) et l'hôte étranger (colza, une Brassicaceae à cycle long) au cours des 16 semaines de notre expérimentation. Inversement, *P-long* dont l'hôte naturel a un cycle de vie de 40 semaines, n'a pas pu terminer son cycle dans la durée de notre expérimentation. L'arrêt du développement observé ici au stade de bourgeon a été probablement dû à la quantité limitée des ressources disponibles dans les pots utilisés pour l'expérimentation. Plusieurs auteurs ont rapporté un ajustement fin entre l'hôte et le cycle de développement du parasite : durées de 45 à 150 jours selon les hôtes considérés avec un ajustement correspondant de la croissance et une capacité à régler la floraison en fonction de la quantité des ressources obtenues à partir de l'hôte (Kogan, 1994 ; Labrada, 1994 ; Neumann et Sallé, 2000 ; Brault *et al.*, 2007 ; Gibot-Leclerc *et al.*, 2012). Nos résultats suggèrent que ces changements dans le cycle de vie sont liés à une certaine différenciation génétique entre les populations. Nous n'avons pas observé de substitution de remplacement dans la séquence codante de l'homologue de FT qui pourrait être liée à la différence observée dans la durée du cycle des deux populations étudiées. Le déterminisme de la durée du cycle de vie des plantes parasites a été peu étudié. Des études antérieures

ont suggéré une synchronicité avec l'hôte mais aussi une influence possible de facteurs environnementaux tels que la photopériode (Holdsworth et Nutman, 1947) ou la température (Eizenberg *et al.*, 2004) ont été pris en compte. De toute évidence, d'autres investigations de la variation génétique pour la durée du cycle de vie au sein des espèces orobanche sont nécessaires, avec une meilleure appréciation de la façon dont cela peut affecter son succès reproducteur à travers différentes cultures.

La variation de la durée de cycle de vie est associée à une variation de l'agressivité du parasite. Les deux populations de *P. ramosa* ont montré des profils distincts d'intensité d'infection. *P-long* a montré un succès d'infection plus élevé dans les premiers stades que *P-short*. Toutefois, les deux populations ont montré un taux d'infection plus élevé sur leurs hôtes naturels que sur les hôtes étrangers. Par ailleurs, la diminution du nombre d'individus de *P. ramosa* au cours de notre expérimentation pourrait être due au développement d'un mécanisme de résistance post-pénétration de l'hôte impliquant un processus d'occlusion des vaisseaux avec du mucilage comme cela a été suggéré par Pérez-de-Luque *et al.* (2006) pour *O. crenata* et *Vicia sativa* et par Fernandez-Aparicio *et al.* (2008) pour *O. crenata* et *Lens culinaris*. Des mécanismes de défense ont été également suggérés par Gauthier *et al.* (2012) à différents stades de développement de *P. ramosa*, dont en post-fixation, au sein d'un panel de colza.

Nos résultats sont en accord avec les précédentes recherches menées sur la spécificité de la relation hôte-parasite. Brault *et al.* (2007) ont montré des différences de virulence des populations de *P. ramosa* récoltées sur chanvre, colza et de tabac, et une plus grande affinité entre une espèce hôte et sa population d'orobanche. De même, Benharrat *et al.* (2005) ont démontré que les variétés de colza semblent être plus sensibles aux populations de *P. ramosa* récoltées dans les parcelles de colza et plus résistantes aux populations provenant des parcelles de chanvre, et vice versa pour les variétés de chanvre. Chez *O. minor*, Thorogood *et al.* (2008, 2009) ont démontré l'existence de deux sous-espèces, *O. minor var. minor* et *O. minor ssp. maritima* qui se distinguent par leurs spécificités d'hôtes : *O. minor var. minor* est un généraliste qui peut infecter à la fois le trèfle rouge et la carotte de mer, mais avec un plus haut degré de préférence pour le trèfle rouge, l'hôte fréquemment observé pour ce pathovar. *Orobanche minor ssp. maritima* est incapable d'infecter le trèfle rouge et infecte seulement la carotte de mer. Les auteurs suggèrent que chez *O. minor*, des changements dans la spécificité d'hôte peuvent conduire à une divergence allopatrique et, finalement, la spéciation, en raison des différences d'écologie de l'hôte.

Phelipanche ramosa a été décrite comme un généraliste ayant une très large gamme d'hôtes potentiels composée de diverses cultures annuelles et de mauvaises herbes annuelles (Rumsey et Jury, 1991 ; Gibot-Leclerc *et al.*, 2003 ; Benharrat *et al.*, 2005). En accord avec des données antérieures (Benharrat *et al.*, 2005 ; Brault *et al.*, 2007), nos résultats suggèrent que l'acquisition d'un nouvel hôte préférentiel (le colza) est associée à une certaine divergence génétique. En outre, il semble que le transfert d'hôte est accompagné d'une évolution de la durée du cycle de vie du parasite. Nous émettons l'hypothèse que le transfert de préférence d'hôte vers le colza (culture à cycle long) a conduit à la sélection de génotypes de *P. ramosa* à cycle long et donc à l'acquisition d'une nouvelle niche écologique du fait que ces génotypes ne sont plus en mesure de terminer leur cycle de vie sur une culture de cycle court comme la tomate. Selon Thorogood et Hiscock (2007), et Thorogood *et al.* (2008) pour *O. minor*, cela peut conduire avec le temps à une divergence allopatrique entre pathovars susceptible d'être renforcée par la consanguinité car ces espèces sont principalement autogames.

Les stratégies visant à lutter contre les plantes parasites dans les cultures annuelles nécessitent une meilleure compréhension de leur cycle de vie et de leur dynamique démographique. Jusqu'à présent, les modèles élaborés pour décrire les infections par les parasites ne prenaient pas en compte la divergence intraspécifique dans la spécificité d'hôte et les caractéristiques du cycle de vie (Grenz *et al.*, 2005 ; Hautier *et al.*, 2010). Nous avons déjà développé un modèle mécaniste préliminaire (appelé PHERASYS) des effets des systèmes de culture sur la dynamique *P. ramosa* en interaction avec la présence de mauvaises herbes hôtes (Colbach *et al.*, 2011). Si de considérables travaux de recherche sont encore nécessaires pour améliorer nos connaissances sur le cycle biologique du parasite dans différentes cultures et pour différents modes de gestion, nos résultats soulignent l'importance de prendre en compte la variabilité intraspécifique de *P. ramosa* dans le modèle PHERASYS que nous avons développé.

Conclusion

Comprendre si les différences des durées de cycle de vie au sein de *P. ramosa* sont déterminées par l'hôte ou par l'identité génétique des pathovars, et décrire la variabilité génétique parmi les populations de *P. ramosa* en se basant sur des marqueurs moléculaires est essentiel pour développer de manière plus durable les stratégies de lutte contre ce parasite. Notre étude a démontré que la durée du cycle de vie de *P. ramosa* est déterminée principalement par l'identité de la population du parasite plutôt que par le cycle de vie de l'hôte, et que les différentes populations peuvent appartenir à différentes races de *P. ramosa*. Le défi de la recherche future sera de confronter ces résultats expérimentaux avec des données d'infection sur le terrain.

Remerciements

Ce projet a été financé par l'INRA, ANR OGM VIGIWEED (ANR-07-POGM-003-01) et par le programme FABER (FABER 2008-9201AAO035S00135) de la région Bourgogne.

Références bibliographiques

- Ballerini, E.S., Kramer, E.M., 2011. In the light of evolution: a reevaluation of conservation in the *CO-FT* regulon and its role in photoperiodic regulation of flowering time. *Front. Plant Sci.* 2, 81.
- Benharrat, H., Boulet, C., Theodet, C., Thalouarn, P., 2005. Virulence diversity among branched broomrape (*O. ramosa* L.) populations in France. *Agron. Sustain. Dev.* 25, 123-128.
- Bouwmeester, H.J., Matusova, R., Zhongkui, S., Beale, M.H., 2003. Secondary metabolite signalling in host-parasitic plant interactions. *Curr. Opin. Plant. Biol.* 6, 358-364.
- Brault, M., Betsou, F., Jeune, B., Tuquet, C., Sallé, G., 2007. Variability of *Orobanche ramosa* populations in France as revealed by cross infestations and molecular markers. *Environ. Exp. Bot.* 67, 271-280.
- Buschmann, H., Gonsior, G., Sauerborn, J., 2005. Pathogenicity of branched broomrape (*Orobanche ramosa*) populations on tobacco cultivars. *Plant Pathol.* 54, 650-656.
- Colbach, N., Abdennebi-Abdemessed, N., Gibot-Leclerc, S., 2011. A preliminary approach for modelling the effects of cropping systems on the dynamics of broomrape (*Phelipanche ramosa*) in interaction with the non-parasitic weed flora. *Oléagineux, Corps Gras, Lipides* 18, 39-45.
- Cubero, J.I., 1986. Breeding for resistance to *Orobanche* and *Striga*: a review. In: ter Borg, S.J. (Ed.), *Biology and Control of Orobanche*. Proceedings of a Workshop on Biology and Control of *Orobanche*. Wageningen, The Netherlands, pp. 127-139.
- Echevarría-Zomeño, S., Pérez de Luque, A., Jorrin, J., Maldonado A.M., 2006. Pre-haustorial resistance to broomrape (*Orobanche cumana*) in sunflower (*Helianthus annuus*): cytochemical studies. *J. Exp. Bot.* 57, 4189-4200.
- Eizenberg, H., Colquhoun, J.B., Mallory-Smith, C.A., 2004. The relationship between growing degree days and small broomrape (*Orobanche minor*) parasitism in red clover. *Weed Sci.* 52, 735-741.
- Fernandez-Aparicio, M., Sillero, J.C., Pérez-De-Luque, A., Rubiales, D., 2008. Identification of sources of resistance to crenate broomrape (*Orobanche crenata*) in Spanish lentil (*Lens culinaris*) germplasm. *Weed Res.* 48, 85-94.
- Gauthier M., Véronési C., El-Halmouch Y., Leflon M., Jestin C., Labalette F., Simier P., Delourme R., Delavault, P., 2012. Characterisation of resistance to branched broomrape, *Phelipanche ramosa*, in winter oilseed rape. *Crop protection*, 42, 56-63.
- Gibot-Leclerc, S., Brault, M., Pinochet, X., Sallé, G., 2003. Potential role of winter rape weeds in the extension of broomrape in Poitou-Charentes. *C. R. Biol.* 326, 645-58.
- Gibot-Leclerc, S., Sallé, G., Reboud X., Moreau, D., 2012. What are the traits to *Phelipanche ramosa* (L.) Pomel that contribute to the success of its biological cycle on its host *Brassica napus* L. ? *Flora* 207, 512-521.
- Grenz, J.H., Manschadi, A.M., Uygur, F.N., Sauerborn, J., 2005. Effects of environment and sowing date on assimilate competition between faba bean (*Vicia faba*) and the parasitic weed *Orobanche crenata*. *Field Crop. Res.* 93, 300-313.
- Hautier, Y., Hector, A., Vojtech, E., Purves, D., Turnbull, L.A., 2010. Modelling the growth of parasitic plants. *J. Ecol.* 98: 857-866.
- Holdsworth, M., Nutman, P.S., 1947. Flowering response in a strain of *Orobanche minor*. *Nature* 160, 223-224.
- Joel, D.M., Hershenshorn, Y., Eizenberg, H., 2007. Biology and management of weedy root parasites. *Hort. Rev. (Am Soc Hortic Sci)* 38, 267-349.
- Kogan, M., 1994. *Orobanche* in Chile: a research report. In: Pieterse, A.H., Verkleij, J.A.C., ter Borg, S.J. (Eds), *Biology and management of Orobanche*. Proceedings of the Third International Workshop on *Orobanche* and related *Striga* Research, Royal Tropical Institute, Amsterdam, Pays-Bas, pp 599-603.
- Labrada, R., 1994. Occurrence and control of *Orobanche ramosa* L. in Cuba. In: Pieterse, A.H., Verkleij, J.A.C., ter Borg, S.J. (Eds), *Biology and management of Orobanche*. Proceedings of the Third International Workshop on *Orobanche* and related *Striga* Research, Royal Tropical Institute, Amsterdam, Pays-Bas, pp 604-610.
- Molinero-Ruiz, M.L., Pérez-Vich, B., Pineda-Martos, R., Melero-Vara, J.M., 2008. Indigenous highly virulent accessions of the sunflower root parasitic weed *Orobanche cumana*. *Weed Res.* 49, 169-178.

- Musselman L.J., Parker C., 1982. Preliminary host ranges of some strains of economically important broomrapes (Orobanche). *Econ. Bot.* 36, 270–273.
- Neumann, U., Sallé, G., 2000. Defence mechanisms of plants against parasitic angiosperms. *C. R. Acad. Agric France* 86, 85-96.
- Parker, C., 2009. Observations on the current status of Orobanche and Striga problems worldwide. *Pest Manag. Sci.* 65, 453-459.
- Parker, C., Riches, C.R., 1993. *Parasitic Weeds of the World: Biology and Control*. CAB International, Wallingford.
- Pérez-De-Luque, A., Lozano, M.D., Cubero, J.I., Gonzales-Melendi, P., Risueno, M.C., Rubiales, D., 2006. Mucilage production during the incompatible interaction between Orobanche crenata and Vicia sativa. *J. Exp. Bot.* 57, 931-942.
- Press, M.C., Graves, J.D., 1995. *Parasitic plants*. Chapman and Hall, London.
- Press, M.C., Phoenix, G.K., 2005. Impacts of parasitic plants on natural communities. *New Phytol.* 166, 737-751.
- R Core Team., 2012. *R : A Language and Environment for Statistical Computing*, R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria (<http://www.R-project.org/>).
- Rispail, N., Dita, M.A., Gonzáles-Verdejo, C., Pérez-de-Luque, A., Castillejo, M.A., Prats, E., Román, B., Jorrín, J., Rubiales, D., 2007. Plant resistance to parasitic plants: molecular approaches to an old foe. *New Phytol.* 173, 703-712.
- Rumsey, F.J., Jury, S.L., 1991. An account of Orobanche L. in Britain and Ireland. *Watsonia* 18, 257–295.
- Sauerborn, J., 1991. *Parasitic flowering plants, Ecology and Management*. Verlag Josef Margraf, Germany.
- Schneeweiss, G.M., 2007. Correlated evolution of life history and host range in the non photosynthetic parasitic flowering plants Orobanche and Phelipanche (Orobanchaceae). *J. Evol. Biol.* 20, 471-478.
- Tamura, K., Peterson, D., Peterson, N., Stecher, G., Nei, M., Kumar, S., 2011. MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods. *Mol. Biol. Evol.* 28, 2731-2739.
- Teryokhin, E.S., 1997. *Weed Broomrapes: systematics, ontogenesis, biology, evolution*. Aufstieg-Verlag, Landshut, Germany.
- Thorogood C.J., Hiscock S.J., 2007. Host specificity in the parasitic plant *Cytinus hypocistis*. *Res Lett Ecol.* 2007, ID 84234, 4pp.
- Thorogood, C.J., Rumsey, F.J., Harris, S.A., Hiscock S.J. 2008. Host-driven divergence in the parasitic plant Orobanche minor Sm. (Orobanchaceae). *Mol. Ecol.* 17, 4289-4303.
- Thorogood, C.J., Rumsey, F.J., Hiscock, S.J., 2009. Host-specific races in the holoparasitic angiosperm Orobanche minor: implications for speciation in parasitic plants. *Ann. Bot.* 103, 1005-1014.
- Vinogradov, V.A., Mironov, E.K., Strelyeva, N.I., Sarychev, Yu, F., 1981. Breeding tobacco for resistance to Orobanche. *Plant Breed. Abstr.* 54, 6089.
- Vinogradov, V.A., Mironov, E.K., Sarychev, Yu, F., 1984. Degree of field resistance to Orobanche in tobacco mutants, hybrids and varieties. *Plant Breed. Abstr.* 54, 3464.
- Zehhar, N., Labrousse, P., Arnaud, M.C., Boulet, C., Bouya, D., Fer, A., 2003. Study of resistance to Orobanche ramosa in host (oilseed rape and carrot) and non-host (maize) plants. *Eur. J. Plant. Pathol.* 109, 75-82.