VALIDATION D'UN TEST PRÉDICTIF QUANTITATIF PERMETTANT UNE ESTIMATION DES RISQUES DE DARTROSE EN PRODUCTION DE POMME DE TERRE.

PHYD-1-17-1843

AVRIL 2018- MARS 2020

RAPPORT FINAL

Réalisé par :

Hervé Van der Heyden

Phytodata

Collaborateur :

André Gagnon

Progest 2001

Mars 2020

Les résultats, opinions et recommandations exprimés dans ce rapport émanent de l'auteur ou des auteurs et n'engagent aucunement le ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation.

Validation d'un test prédictif quantitatif permettant une estimation des risques de dartrose en production de pomme de terre

PHYD-1-17-1843

Résumé du projet

Les producteurs de pommes de terre québécois subissent une constante pression à la fois pour accroître leurs rendements et, paradoxalement, pour réduire leur empreinte environnementale et par conséquent, leur utilisation de pesticides. Cependant, la pomme de terre est assujettie à de nombreuses maladies d'origine tellurique, difficiles à prédire et compromettant la récolte saison après saison. Parmi ces maladies, celles causant des taches directement sur les tubercules : *Colletotrichum coccodes*, *Rhizoctonia solani, Verticilium dahliae, Helminthosporium solani* et *Spongospora subteranea*, responsables respectivement de la dartrose, de la rhizoctonie, de la verticilliose, de la tache argentée et de la gale poudreuse, sont particulièrement préoccupantes. Depuis 2014, une approche moléculaire de détection et quantification des pathogènes de la pomme de terre a été développée et validée par Phytodata en collaboration avec Agrinova, groupe Pousse-Vert et Progest. Bien qu'il soit généralement admis que plusieurs autres facteurs influencent le développement des maladies de sol, les tests de détection et de quantification moléculaire se sont avérés être prometteurs pour caractériser l'état sanitaire d'un champ avant sa plantation. De façon générale, les variables associées à la météo ont beaucoup de poids lorsque vient le temps de modéliser un pathosystème complexe. Toutefois, l'inoculum du sol est la seule variable explicative qui puisse être obtenue avant le début de la production et c'est notamment pour cette raison qu'il est important de bien comprendre la relation entre l'inoculum du sol et le développement des symptômes. L'objectif principal de ce projet consistait donc à valider, en conditions commerciales, un test prédictif pour la dartrose de la pomme de terre. Au total, 57 champs ont été échantillonnés dans cinq régions administrative (Saguenay, Québec, Montérégie-Ouest, Lanaudière et Centre du Québec). En saison, la base des tiges a également été prélevée pour chaque site d'échantillonnage et une évaluation à la récolte a été réalisée. Les échantillons de sols et de tissus ont été soumis à un protocole d'extraction d'ADN et la détermination de la concentration de l'inoculum des sols par qPCR pour *C. coccodes* et les autres pathogènes de sol de la pomme a été réalisée. Une revue de littérature a permis de définir un premier schéma de gestion pour la dartrose. Dans cette étude, nous avons démontré de plusieurs façons que l'inoculum du sol représente un bon indicateur de risque, bien que la réponse varie substantiellement à des concentrations comprises entre 10 et 100 pg d'ADN par gramme de sol. Nos résultats suggèrent également que comme la présence d'inoculum dans les tiges est le résultat d'une combinaison de plusieurs facteurs environnementaux et inclus également la sensibilité variétale ou encore les traitements de semence, un test de détection réalisé à cette étape permet d'estimer adéquatement les risques de développement de la maladie.

Introduction

La dartrose, causée par *Colletotrichum coccodes*, est caractérisée par la présence de microsclérotes noires à la base des tiges, sur les racines et stolons, ainsi que sur les tubercules filles des plants infectés. De plus, la dartrose peut occasionner, seule ou en combinaison avec d'autres agents pathogènes, un dépérissement prématuré des tissus aériens. Les sources initiales d'inoculum sont généralement le sol et la semence, tandis que les infections secondaires peuvent être causées par des spores dispersées par le vent ou les éclaboussures (Johnson et al. 2018). Toutefois, les infections occasionnées par l'inoculum du sol sont généralement plus

fréquentes et plus sévères que celles occasionnées par l'inoculum de la semence ou par les spores (Lees et al. 2010, Nitzan et al 2005; 2008).

Les infections causées par les microsclérotes présents dans les sols sur les tissus souterrains (stolons, tiges tubercules) ou à la base des tissus aériens sont favorisées lorsque les températures sont près de 22°C, par la pluie et l'abrasion des tissus par les particules de sols. Les infections demeurent cependant latentes jusqu'à ce que la plante atteigne le stade BBCH principal 4, lorsque les tubercules se forment et que les plants commencent à devenir sénescents. À ce stade, une augmentation de la production d'éthylène et/ou d'acide jasmonique par la plante activerait la croissance mycélienne de *C. coccodes* et la colonisation des tissus par ce dernier (Nitzan et al. 2006). Ainsi, l'activation de la croissance de *C. coccodes* après une période de latence post-infection serait largement associée à la sénescence des plants, qu'elle soit naturelle ou causée par des stress biotiques (c.-à-d. infections par d'autres agents pathogènes) ou abiotiques (carences, surplus/déficit hydrique, compaction, météo). Comme la sénescence active la levée de la latence de *C. coccodes*, l'évaluation visuelle des chloroses ou des nécroses foliaires ne constitue pas un bon indicateur du risque de dartrose à la récolte. Ainsi, selon Nitzan et al. (2006), l'évaluation visuelle aux stades de développement végétatif est inadéquate pour diagnostiquer ou anticiper un problème de dartrose. Il est nécessaire d'attendre le développement des microsclérotes sur les tissus secs lorsque la sénescence est complète. Il est cependant recommandé d'identifier et de quantifier l'inoculum de *C. coccodes* dans les tissus au stade BBCH 4, afin de mieux gérer les opérations de récoltes et d'entreposage. Cette évaluation peut être faite par isolement sur milieu de culture, par PCR ou par qPCR en temps réel.

Lorsque l'inoculum du pathogène est décelé dans les tissus au stade BBCH 4, un suivi plus étroit pourrait être recommandé. En effet, il existe une forte relation entre la durée de la culture (nombre de jours depuis la plantation) et l'incidence et la sévérité de la maladie sur tubercules (Johnson et al. 2015). Il a également été démontré que de devancer la récolte d'une à deux semaines pouvait permettre une réduction significative de l'incidence et de la sévérité de la maladie, même si cette pratique est susceptible de réduire les rendements (Lees et al. 2003). Le choix des méthodes de défanage peut également permettre une réduction de l'incidence de la maladie à la récolte.

Pour limiter le développement de la maladie en post-récolte, il est recommandé de réduire les excès d'humidité rapidement après l'entreposage, particulièrement lorsque les tubercules sont récoltés dans des conditions humides ou lorsque ces derniers sont entreposés avec beaucoup de sol. Pour ce faire, un séchage (curing) à air forcé peut être recommandé pour une période de 10 à 14 jours, au cours de laquelle de l'air à 15°C est forcé à travers les boîtes ou les tas de pommes de terre (Lees et al. 2010).

Parmi les autres facteurs qui devraient faire partie d'un modèle systémique de gestion des maladies de sol, le choix des cultivars devrait paraître au sommet de la liste des actions à privilégier. Toutefois, il existe très peu d'information sur la sensibilité des cultivars de pomme de terre à la dartrose ou aux autres maladies de sol. Notons qu'un projet en cours de réalisation au CIEL vise à caractériser la sensibilité des cultivars à la dartrose. Plus d'une cinquantaine de plantes et mauvaises herbes ont également été identifiées comme étant des réservoirs potentiels pour *C. coccodes*. Il est important de les identifier et de les détruire lorsque cela est possible. Enfin, l'historique des champs est un facteur important. Il a en effet été démontré qu'il existe une forte relation entre le nombre d'années en culture de pomme de terre et l'incidence de la maladie (Johnson et al. 2015).

Pour les maladies d'origines telluriques, comme la dartrose de la pomme de terre, il n'y avait, jusqu'à tout récemment, que quelques paramètres possibles à anticiper. Notamment, les antécédents culturaux du champ, la qualité de la semence et la variété à utiliser. Les approches moléculaires de détection et de quantification de l'ADN, plus précisément le qPCR en temps réel, permettent désormais de déterminer avec précision si l'agent pathogène est présent et si ce dernier est suffisamment abondant pour occasionner des dommages à la culture. Depuis 2016, Phytodata et ses collaborateurs (nommer) travaillent à développer des indicateurs de risque basés sur la présence et l'importance de l'inoculum des sols détecté par qPCR en temps réel.

Matériels et méthodes

L'objectif principal de ce projet consistait à valider, en conditions commerciales, un test prédictif pour la dartrose de la pomme de terre dans le but de rationnaliser l'emploi des fongicides. Plus spécifiquement, il visait à 1) caractériser la relation entre la concentration de l'inoculum du sol mesuré par qPCR et l'incidence et la sévérité de la maladie au champ; 2) valoriser les échantillons recueillis en les testant pour la Rhizoctonie et la gale poudreuse et 3) définir les bases d'une approche systémique pour une gestion des maladies de sols de la pomme de terre, basée sur la connaissance de l'inoculum du sol.

Échantillonnage et quantification de l'inoculum. Aux printemps 2018 et 2019, une campagne d'échantillonnage a été réalisée dans cinq régions administratives du Québec (Saguenay, Québec, Montérégie-Ouest, Lanaudière et Centre du Québec). Au total, 57 champs ont été échantillonnés, dans chacun desquels 15 échantillons ont été prélevés selon un patron d'échantillonnage aléatoire et géoréférencé. Les sols ont été réfrigérés après l'échantillonnage jusqu'à leur arrivée au laboratoire, où ils ont été homogénéisés et séchés à température pièce pendant 24-48h avant d'être pulvérisés en fine poudre. Les sols ont ensuite été soumis à un protocole d'extraction d'ADN tel que décrit dans Van der Heyden et al. (2019). Chaque échantillon a ensuite été testé par qPCR pour déterminer la concentration de l'inoculum de *C. coccodes*. Les extraits d'ADN obtenus ont également été testés pour les différents pathogènes de la pomme de terre, c'est-à-dire *Spongospora subterranea* (gale poudreuse), *Rhizoctonia solani* (rhizoctonie), *Verticillium dahliae* (verticiliose) et *Helminthosporium solani* (tache argentée) (Annexe 1). La concentration de l'inoculum est exprimée en pg d'ADN par gramme de sol sec.

Après l'échantillonnage des sols au printemps, une évaluation a été réalisée à deux moments, soit 1) à la fermeture du rang et 2) à la récolte pour chacun des 57 champs échantillonnés. Au cours de la première évaluation, la base des tiges a été inspectée et des sections de tiges de 10 cm ont été prélevées et également testées par qPCR pour détecter les infections asymptomatiques et quantifier l'inoculum de *C. coccodes* dans les tiges, de la même façon que pour les sols. À la récolte, deux mètres de rangs ont été récoltés dans chaque parcelle et les symptômes de dartrose évalués sur 25 tubercules prélevés aléatoirement, après une période d'entreposage de deux mois. L'évaluation des symptômes a été réalisée en classant les tubercules selon cinq classes de recouvrement de la maladie, soit : 0, 0-5%, 5-10%, 10-25% et plus de 25%. Par la suite, ces valeurs ont été converties en indice de sévérité par parcelle selon la formule décrite dans Madden et al. (1990). Pour chacun des champs, les données météos ont été obtenues de stations installées à proximité ou par Environnement Canada.

Assemblage de la base de données. Au total, 807 échantillons sur les 855 collectés ont été analysés entre 2018 et 2019. Ces observations ont été combinées par champ et jumelées aux observations recueillies dans le cadre de projets antérieurs (IA216624). Les observations ont été regroupées par champ ou par zones de champs pour éviter que plusieurs points de données

provenant du même champ ne soient associés à la même donnée météo (redondance). Au total, 365 observations composites ont été regroupées dans la base de données observationnelles. Pour chacune de ces 365 observations, les données météos ont été utilisées pour construire 18 variables explicatives (Tableau 1). Le logarithme de la concentration d'inoculum dans le sol et dans les tiges était également considéré comme des variables explicatives. Dans le cadre de ce projet, plusieurs informations étaient demandées aux producteurs participants (cultivars, traitements de semences, etc.). Cependant, plusieurs de ces données étaient manquantes et ces paramètres n'ont pas été incorporés à la base de données. Deux variables réponses ont été utilisées pour les analyses : l'indice de sévérité moyen (DSI) et une variable binaire (cat) correspondant à cat=1 pour un indice de sévérité de moins de 5% et de cat=2 pour un indice de sévérité de 5% et plus (Sauvageau et al. 2019). En résumé, la base de données finale contenait donc 365 observations, 20 variables explicatives et 2 variables réponses.

Analyses statistiques. La distribution des données a d'abord été visualisée à l'aide de diagrammes de quartiles (Box-plot). Une régression non linéaire a été effectuée avec toutes les données, entre le log de l'inoculum du sol ou de l'inoculum dans les tiges et l'indice de sévérité ou la catégorie (0-1). Par la suite, une caractérisation préliminaire de la relation entre les différentes variables a été réalisée à l'aide d'une analyse de corrélation de Spearman, effectuée sur les données brutes.

Ensuite, pour étudier la relation entre la maladie et les variables indépendantes sélectionnées et définir des règles de décision, une approche CART (Arbre de régression et classification) a été utilisée. Ce type de modèle a notamment été utilisé en production de laitue pour étudier la relation entre l'inoculum du sol et l'incidence de la maladie au champ (Sauvageau et al. 2019). Dans le cas présent, un modèle d'inférence conditionnelle a été sélectionné car il présente le moins de risque de sur-ajustement par rapport à d'autres algorithmes d'arbres de décision récursifs (Hothorn, Hornick, & Zeileis, 2006). Dans un premier temps, la base de données a été divisée pour obtenir un jeu de données dit d'apprentissage et un jeu de données de validation. Le fractionnement de la base de données a été fait de façon aléatoire et la répartition était fixée à 80% des données pour le jeu d'apprentissage et 20% pour le jeu de validation. L'analyse a été réalisée à l'aide de la méthode « ctree2 » comprise dans la suite « party » disponible pour R V3.6.3 (Hothorn & Zeileis, 2015). Le nombre d'itérations était fixé à 999 et le critère de test d'indépendance pour chaque division (nœud) était la valeur P avec un niveau de signification $\alpha = 0.01$. L'analyse a été réalisée pour un nombre de nœuds variant de 1 à 10, et limité à 10 nœuds pour réduire les risques de surajustement. Enfin, la performance du modèle a été évaluée à l'aide du jeu de données de validation et exprimée en pourcentage de bonnes prédictions.

Résultats significatifs obtenus

L'indice de sévérité (DSI) de dartrose après deux mois d'entreposage variait de 0 à 87% (Figure 1A). Les moyennes se situaient toutes en dessous de 10% sauf pour les sites échantillonnés à l'île d'Orléans et à l'Assomption, où le DSI moyen était de 15% et 40%, respectivement. Les concentrations d'inoculum du sol variaient de 0 à 3756 pg d'ADN/gramme de sol. De façon générale, la concentration moyenne d'inoculum du sol était de 171.5 pg d'ADN/gramme de sol. Les sols organiques échantillonnés (Ste-Clotilde) étaient généralement les plus contaminés (en moyenne 860 pg d'ADN/gramme de sol) et les sites dans la région de Ste-Croix et de Notre-Dame-du-Mont-Carmel les moins contaminés (en moyenne 2.8 et 1.7 pg d'ADN/gramme de sol) (Figure 1B).

Pour l'inoculum des tiges, les concentrations variaient de 0 à 311527.8 pg d'ADN/gramme de tissu et la concentration moyenne d'inoculum du sol était de 1925.4 pg d'ADN/gramme de

tissu. L'inoculum était plus élevé dans les tiges recueillies dans les sites de l'île d'Orléans (20231.7 pg d'ADN/gramme de tissu) et moins élevé dans les sols organiques et au Saguenay (0.7 et 23.7 pg d'ADN/gramme de tissu, respectivement) (Figure 1C).

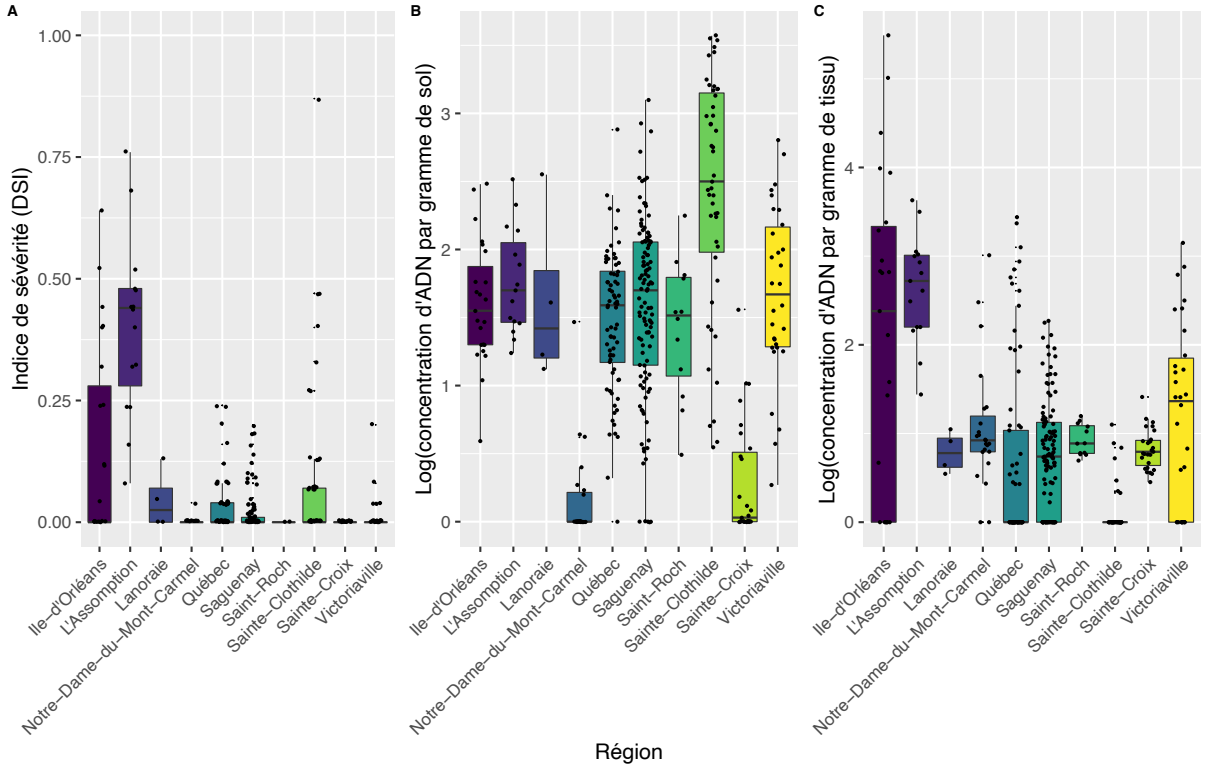

Figure 1: Diagrammes de quartiles montrant la distribution des données par région pour A) l'indice de sévérité (DSI), B) la concentration d'inoculum dans les sol et C) dans les tissus.

La régression non-linéaire, réalisée avec toutes les parcelles, a révélé que l'inoculum de *C. coccodes* dans le sol avait un effet significatif sur la sévérité de la maladie. L'analyse conduite avec le DSI comme variable réponse était significative ($P<0.0001$) et suggère d'une part que les risques sont faibles en dessous d'une concentration de 10 pg d'ADN/gramme de sol et qu'ils augmentent à partir d'une concentration située entre 10 et 100 pg d'ADN/gramme de sol. On constate également une grande variabilité entre les saisons d'échantillonnage, les champs échantillonnés en 2019 ayant des valeurs de DSI plus élevées par rapport à la saison 2018 (Figure 2A).

Pour estimer quelle est la probabilité qu'un DSI soit supérieur à 5% en fonction de l'inoculum du sol, une régression logistique a été réalisée avec les données transformées en catégories. La régression était également significative ($P<0.0001$) et précise les résultats obtenus précédemment. Ils suggèrent qu'à des niveaux d'infestation du sol inférieurs à 10 pg d'ADN/gramme de sol, la probabilité d'avoir un DSI supérieur à 5% est quasi nulle. La probabilité d'observer un DSI de plus de 5% augmente à 25% à des concentrations supérieures à 100 pg d'ADN/gramme de sol et à plus de 60% à des concentrations supérieures à 1000 pg d'ADN/gramme de sol (Figure 2B). Ces résultats sont cohérents avec ceux rapportés par Lees et al. (2010), qui suggèrent également une relation significative entre la concentration d'inoculum dans le sol et l'incidence ou la sévérité de la maladie. Il est également important de noter que pour 29 des 365 observations utilisées pour cette analyse, un DSI de 0 était associé à des valeurs d'inoculum de sol supérieures à 100 pg d'ADN/gramme de sol. Toutes ces

observations provenaient de champs situés en terres noires (Figure 2). L'inoculum du sol de *C. coccodes* constitue donc un bon indicateur de risque, mais d'autres facteurs peuvent influencer le risque de développement de dartrose.

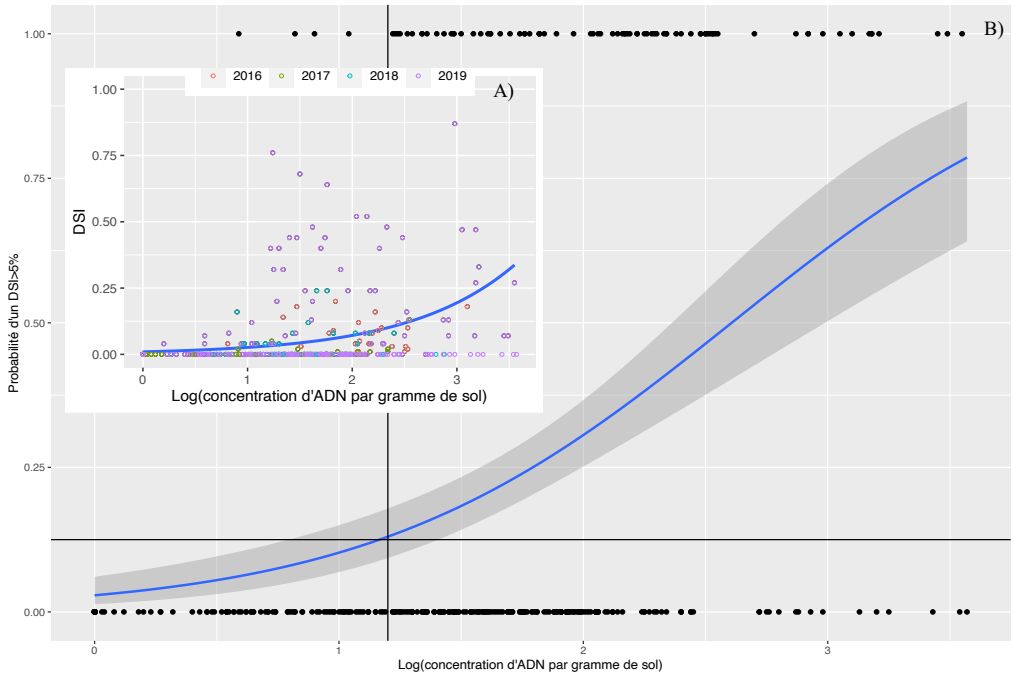

Figure 2. Régression logistique effectuée pour caractériser la relation entre l'inoculum du sol et A) la DSI et B) la probabilité d'observer un DSI supérieur à 5%. Les deux régressions sont significatives **(*P*<0.0001).**

Tableau 1. Résumé des résultats significatifs de l'analyse de corrélation de Spearman entre les différentes variables et la sévérité de la dartrose (DSI).

Variables	**Acronyme**	$r_{Spearman}$	***P***
Concentration d'inoculum dans les tiges (*p*g d'ADN/gramme de tissus)	log_inoc_sol	**0.309**	**<0.0001**
Pluviométrie moyenne à la plantation (mm)	PlMoyMai	**-0.306**	**<0.0001**
Pluviométrie moyenne stade BBCH4 (mm)	PlMoyJui	**0.215**	**<0.0001**
Concentration d'inoculum dans le sol (*n*g d'ADN/gramme de sol)	log_sol	**0.194**	**0.001**
Température moyenne stade BBCH1 (°C)	TMoyJuin	**-0.132**	**0.012**
Température moyenne stade BBCH9 (°C)	TMoySept	**-0.130**	**0.013**
Température moyenne stade BBCH0 (°C)	TMoyM	**-0.115**	**0.028**
Pluviométrie moyenne stade BBCH9 (mm)	PlMoySept	**-0.114**	**0.029**

Ensuite, l'analyse de corrélation a été réalisée avec le test de Spearman sur le jeu de données car la distribution de certaines variables n'était pas normale. Cette analyse révèle que l'inoculum du sol a le plus d'influence sur la DSI (r = 0.309, P<0.0001), suivi par les précipitations dans les semaines qui suivent la plantation (r = -0.306, P<0.0001), la pluviométrie au stade BBCH4 (formation des tubercules) (r = 0.215, P<0.0001) et la concentration de l'inoculum dans les tiges à la floraison (r = 0.194, P=0.001) (Tableau 1). Les températures moyennes aux stades BBCH0, 1 et 9 et la pluviométrie au stade BBCH9 sont

également significatifs (Tableau 1). Pour toutes les autres variables testées il n'y avait pas d'association monotonique entre celles-ci et le DSI.

Indépendamment du nombre de nœuds (un nœud correspond à un seuil de séparation sur une variable prédictive unique) imposés au modèle, l'inoculum du sol a été sélectionné comme étant la variable ayant le plus important pouvoir prédictif. Pour le premier nœud, un seuil significatif de 15 pg d'ADN/gramme de sol a été retenu pour la division (Figure 3A). Au total, 32% des données contenues dans le jeu de données d'entrainement avaient des concentrations d'inoculum inférieures à 15 pg d'ADN/gramme de sol et plus de 95% d'entre elles étaient classées dans la bonne catégorie (Figure 3A). Le deuxième indicateur retenu par l'algorithme CART était la concentration d'inoculum dans les tiges. Pour le second nœud, un seuil significatif de 128.8 pg d'ADN/gramme de tissu a été retenu pour la division (Figure 3B). Au total, 85% des données contenues dans le jeu de données d'entrainement avaient des concentrations d'inoculum inférieures à 128.8 pg d'ADN/gramme de tissu et plus de 80% d'entre elles étaient classées dans la bonne catégorie. Au troisième nœud, les précipitations

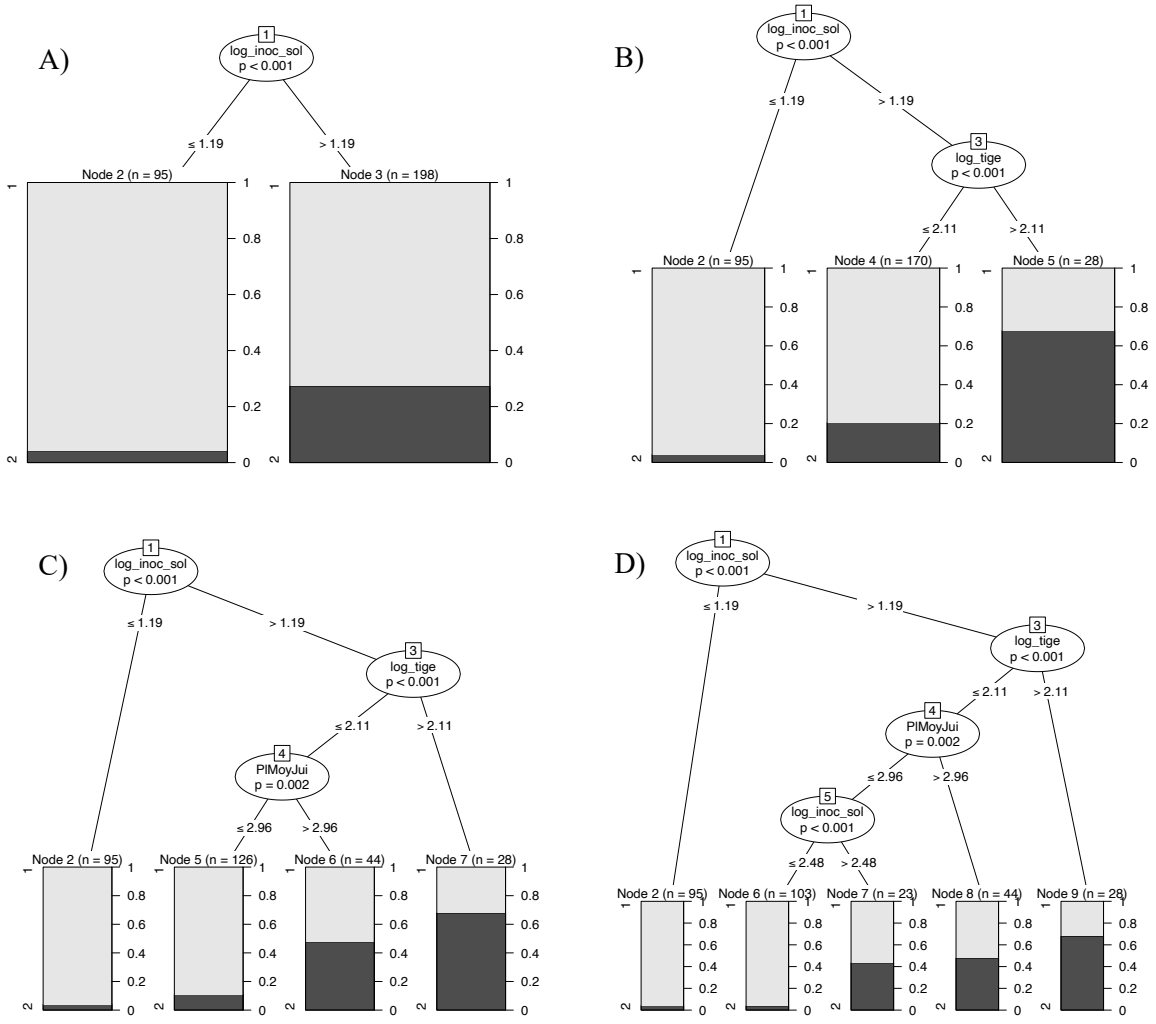

Figure 3: Arbre d'inférence conditionnelle pour les données transformées en catégories. Pour chaque nœud interne, les valeurs *P* ajustées (Bonferroni) sont données et la fraction appartenant à chaque catégorie est affichée pour chaque nœud terminal. En A) le modèle est forcé à un seul nœud, en B) 2 nœuds, en C) 3 nœuds et en D) 4 nœuds et plus.

moyennes au stade BBCH4 étaient également significatives (Figure 3C) et au quatrième nœud, le modèle introduit une seconde fois l'inoculum de sol (Figure 3D). Enfin, l'utilisation du jeu de données de validation a permis de déterminer que le meilleur modèle développé avait une précision de 82% et que sa performance n'était pas améliorée par l'ajout d'indicateurs au-delà de deux nœuds.

La relation entre l'inoculum du sol de *C. coccodes* et l'inoculum du sol des autres agents pathogènes était significative pour *Verticillium dahliae* (r=0.439, P<0.0001), mais pas pour les autres agents pathogènes testés dans le cadre de ce projet (Figure 5).

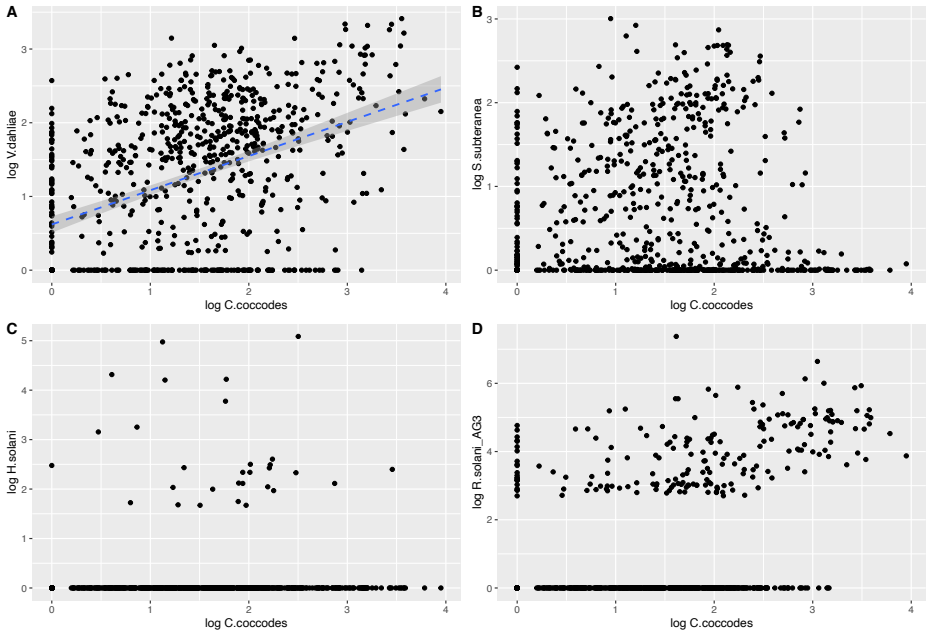

Figure 4. Corrélation entre les concentrations d'inoculum dans les sols pour *C. coccodes* et les quatre autres agents pathogènes testés dans le cadre de ce projet.

APPLICATIONS POSSIBLES POUR L'INDUSTRIE

Depuis 2015, l'équipe de Phytodata travaille à mieux comprendre les maladies de sol dans différentes cultures et à développer des indicateurs de risque basés sur la mesure directe de l'inoculum, ainsi que les seuils associés. Ces seuils sont essentiels au développement de stratégies de lutte intégrée et pour la réduction de l'utilisation des pesticides en agriculture. Cependant, il n'existe que très peu de seuils d'intervention en général en horticulture et c'est encore plus vrai pour les pathogènes de sol. Ainsi, ce projet visait le développement d'un outil de dépistage et de gestion pour une maladie de la pomme de terre d'importance économique : la dartrose. La relation entre l'abondance d'un agent pathogène dans les sols et le développement de la maladie associée est généralement difficile à étudier et les corrélations sont souvent faibles ou non significatives, notamment parce que d'autres variables influencent le développement de la maladie. Dans cette étude, nous avons démontré de plusieurs façons que l'inoculum du sol représente un bon indicateur de risque, bien que la réponse varie substantiellement à des concentrations comprises entre 10 et 100 pg d'ADN par gramme de sol. Les résultats obtenus dans le cadre de ce projet suggèrent qu'un seuil de 15 pg d'ADN par gramme de sol pourrait être utilisé comme point de départ pour élaborer les plans de cultures

annuels. En dessous de cette valeur, il n'y a que très peu de risque que la maladie se développe si la semence utilisée est saine.

Parmi les critères météos utilisés, seuls quelques paramètres liés à la température et à la pluviométrie étaient significativement corrélés à la maladie, et seule la pluviométrie au stade BBCH4 a été retenue par le modèle CART. En revanche, l'inoculum des tiges a été retenu à la seconde division dans le modèle et, combiné à l'inoculum de sol, a permis d'obtenir une spécificité de 82%. La présence d'inoculum dans les tiges est le résultat d'une combinaison de plusieurs facteurs environnementaux et comprend également la sensibilité variétale, les traitements de semence, etc. Ainsi, lorsque la culture est implantée dans un champ à risque, un test de détection sur les tiges en fin de saison peut contribuer à réduire les pertes. En effet, cette information pourrait permettre de devancer la récolte ou réduire la durée d'entreposage.

En conclusion, ce projet a permis d'adapter un test pour la quantification de l'inoculum de *C. coccodes* dans les sols et les tissus, de caractériser la relation entre l'inoculum dans le sol et le développement des symptômes et d'offrir l'analyse aux producteurs de pommes de terre du Québec et d'ailleurs.

DIFFUSION DES RÉSULTATS

Les résultats obtenus pour les différentes fermes sont disponibles pour les producteurs et leurs conseillers. Due au contexte pandémique, les activités de diffusion étaient limitées en 2020. Toutefois, une présentation a été proposées aux membres du comité pommes de terre du CRAAQ pour le colloque 2021. Nous sommes disponibles pour présenter les résultats de ce projet sous forme de présentations ou d'affiches aux différentes journées d'information (p.ex. : Journée d'information régionale du MAPAQ et Journées Horticoles, SPPQ). Un feuillet schématique (Annexe 2) a été préparé et sera diffusé avec la fiche de transfert, ceci-dit plusieurs autres facteurs peuvent influencer le développement de la maladie et devront être ajouté pour favoriser la compréhension du système, notamment la sensibilité des cultivars ou les groupes de compatibilité végétative.

POINT DE CONTACT POUR INFORMATION

Hervé Van der Heyden
Phytopathologiste
Compagnie de recherche Phytodata inc.,
291 rue de la Coopérative,
Sherrington QC, J0L 2N0
514-617-4986
hvanderheyden@phytodata.ca

REMERCIEMENTS AUX PARTENAIRES FINANCIERS

Nous tenons à remercier tous les producteurs qui ont participé au projet en permettant l'échantillonnage, le dépistage et la récolte des parcelles. Merci à l'équipe de Progest2001, de Pousse vert et à l'équipe de PRISME pour leur aide avec les opérations de terrain. Nous souhaitons également remercier Samuel Morissette pour son implication lors de l'élaboration du projet et pour les échanges en cours de route. Ce projet a été réalisé dans le cadre du sous-volet 3.1 du programme Prime-Vert – Appui au développement expérimental, à l'adaptation technologique et au transfert technologique des connaissances en agroenvironnement avec une aide financière du ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation par l'entremise de la Stratégie phytosanitaire québécoise en agriculture 2011-2021.

Annexe 1.

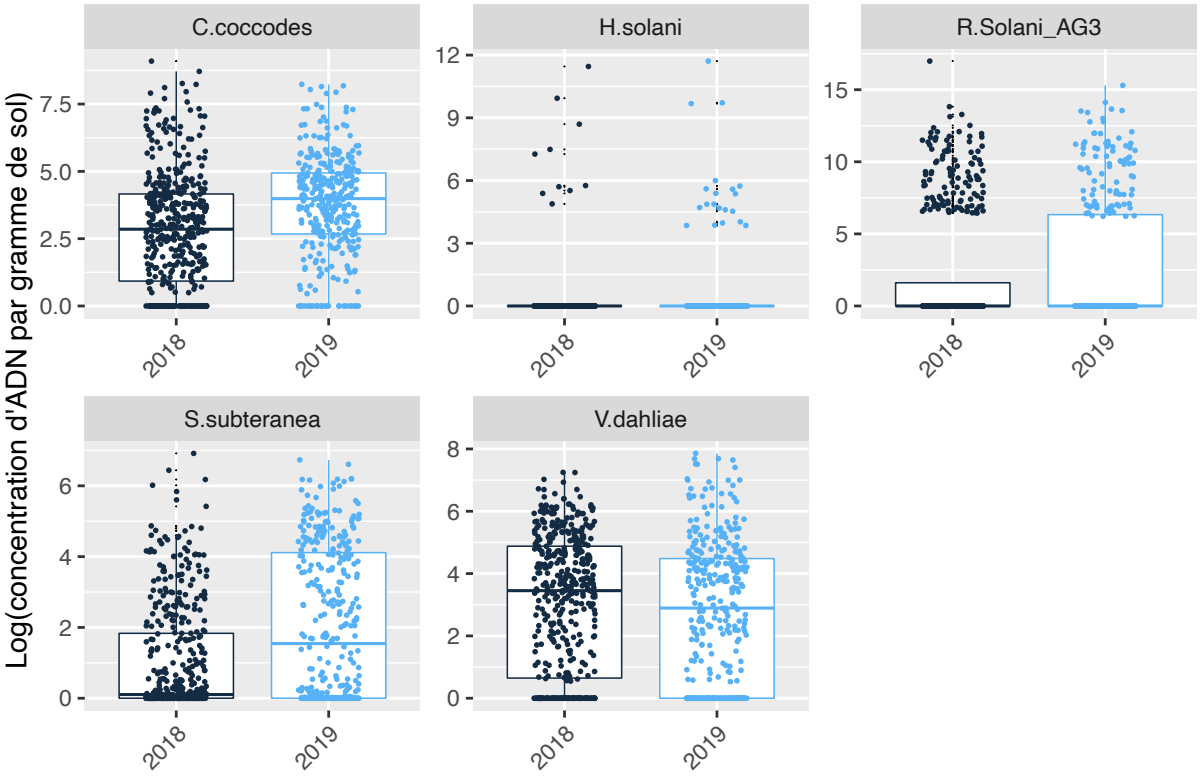

Figure 5. Distribution des données d'inoculum de sol pour les 5 agents pathogènes testés dans le cadre de ce projet.