

# Evaluation de l'efficacité de la résistance des variétés élites et lignées de riz contre la bactériose vasculaire en conditions semi contrôlées et au champ au Burkina Faso

Amadou DIALLO<sup>1,2,3</sup>, Sylvain ZOUGRANA<sup>1,2</sup>  
\*Mathilde HUTIN<sup>3</sup>, Mahamodou SAWADOGO<sup>2</sup>  
Boris SZUREK<sup>3</sup>, Issa WONNI<sup>1</sup>

## Résumé

La bactériose vasculaire du riz causée par *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*, est considérée comme l'une des maladies les plus dommageables du riz au Burkina Faso. L'utilisation de variétés de riz résistantes est considérée comme la méthode de lutte la plus efficace et la plus économique. Dans le but de contribuer à la lutte génétique du riz contre la bactériose vasculaire, des variétés élites de riz à savoir FKR19, FKR43, FKR45N, FKR47N et FKR49N, identifiées résistantes en conditions d'inoculation artificielles à une large gamme de souches *Xoo* africaines et notamment burkinabè, ont été évaluées en conditions de champ sur les sites rizicoles de Di et Bagré pendant les saisons humides 2017, 2018 et 2019. De plus, 32 lignées de riz développées par l'IRRI (International Rice Research Institute ou Institut international de recherche sur le riz) contenant un à cinq gènes de résistance ont été criblées en conditions semi contrôlées avec la souche BAI3 (CFBP 7321 ; CFBP pour Collection Française de Bactéries Phytopathogènes), la plus virulente des souches de *Xoo* isolées au Burkina Faso. Toutes les variétés testées au champ, y compris celles utilisés comme témoins sensibles, n'ont manifesté aucun symptôme de la bactériose vasculaire. Par ailleurs, les lignées IRBB57 (*Xa4+xa5+Xa21*), IRBB60 (*Xa4+xa5+xa13+Xa21*) et IRBB63 (*xa3+Xa7+xa13*) ont été résistantes à la souche BAI3. Par conséquent, ces lignées de riz à gènes pyramidés et les variétés élites sont de bons génotypes pour l'amélioration de la résistance des variétés adoptées et sensibles contre *Xoo* au Burkina Faso.

**Mots clés :** Riz, *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*, Gènes de résistance, Burkina Faso

## Evaluation of the resistance effectiveness of elite varieties and rice's lines against bacterial leaf blight under semi-controlled and field conditions in Burkina Faso

### Abstract

Bacterial leaf blight (BLB) caused by *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* is one of the major diseases that threat rice production in Burkina Faso. The use of resistant rice varieties is the most effective and economical control method. To contribute to the genetic control of rice against bacterial leaf blight, elites rice varieties including FKR19, FKR43, FKR45N, FKR47N and FKR49N, known to be resistant in artificial inoculation to African *Xoo* strains diversity, were assessed in field in Di and Bagré sites during the 2017, 2018 and 2019 wet seasons. Then, thirty rice's lines containing one to five resistance genes, developed by IRRI, were inoculated by *Xoo* BAI3 strain, the more virulent strain from Burkina Faso. All varieties including those used as susceptible control, exhibited no BLB symptoms. Furthermore, the lines IRBB57 (*Xa4 + xa5 + Xa21*), IRBB60 (*Xa4 + xa5 + xa13 + Xa21*) and IRBB63 (*xa3 + Xa7 + xa13*) were more effective against BAI3 strain. Therefore, pyramid genes lines and elite varieties are excellent genotypes for improving the resistance of adopted and susceptible varieties against *Xoo* in Burkina Faso.

**Key words:** Rice, *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*, Resistance gene, Burkina Faso

<sup>1</sup> Institut de l'Environnement et de Recherches Agricoles, CNRST, Ouagadougou, Burkina Faso

<sup>2</sup> Université Joseph Ki Zerbo, Ouagadougou, Burkina Faso

<sup>3</sup> Institut de Recherches pour le Développement (IRD), Ouagadougou, Burkina Faso

Correspondant auteur: [woniissa@gmail.com](mailto:woniissa@gmail.com)

## Introduction

La bactériose vasculaire du riz (BLB pour Bacterial Leaf Blight en anglais) causée par *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* (*Xoo*) a été signalée pour la première fois au Burkina Faso en 1981 (INSTITUT DU SAHEL, 1991). Cependant, c'est en 1998 et 2004 que des grandes épidémies de BLB sévirent sur la plaine rizicole de Bagré, potentiellement suite à l'introduction de la variété de riz chinoise TCS10 qui s'est avérée très sensible à *Xoo* occasionnant des pertes de rendement de plus de 50% sur des parcelles cultivées avec cette variété (KABORE et OUEDRAOGO, 1998 ; OUEDRAOGO *et al.*, 2004). Depuis, la variété TCS10 a été remplacée par d'autres variétés élites développées ou introduites par l'INERA (Institut de l'Environnement et de Recherches Agricoles), telles que les variétés TS2, FKR62N, FKR19 et plus récemment la variété Orylux 6 (WONNI, 2013).

Malgré ces changements variétaux, la maladie est récurrente à Bagré, où l'incidence varie d'une année à l'autre. En 2011, des échantillons de BLB ont été collectés sur la plaine rizicole de Niassan (WONNI, 2013) et plus récemment en 2016, à Di et à Bagré, avec des incidences très importantes, variant respectivement de 5 à 99,6% et de 10 à 86,5% (données non publiées, Wonni). Bien que les pertes de rendement ne soient pas systématiquement évaluées, il est très fortement soupçonné que la BLB, au regard de sa prévalence au Burkina Faso, contribue à une baisse non négligeable du rendement potentiel des variétés de riz dans ce pays. En effet, des pertes de rendements de riz dues au BLB d'environ 20 à 80% ont été enregistrées dans plusieurs pays en Afrique subsaharienne avec des taux d'incidence de 10 à 85% (SARRA *et al.*, 2010 ; BASSO *et al.*, 2011 ; SILESHI et GEBEYEHU, 2021).

Pour lutter contre la BLB, l'utilisation des variétés résistantes est considérée comme la plus efficace et la plus économique (DOKKU *et al.*, 2013 ; SUH *et al.*, 2013 ; PRADHAN *et al.*, 2015). En outre, l'application de bonnes pratiques culturales dont l'utilisation de semences saines, l'élimination des résidus de cultures, des adventices hôtes et des insectes vecteurs permettent de réduire significativement l'incidence de la maladie (NODA *et al.*, 1981 ; MEW *et al.*, 1993). En effet, la base génétique de la résistance chez le riz a été étudiée de manière intensive, et au moins 44 gènes conférant une résistance à la bactériose vasculaire ont été identifiés, et de nombreux cultivars et hybrides de riz résistants ont été développés et commercialisés dans le monde (KUMAR *et al.*, 2020). Compte tenu du degré élevé de variation génétique de l'agent pathogène avec des races qui s'adaptent continuellement aux environnements locaux de culture de riz (LI *et al.*, 2009 ; CHEN *et al.*, 2012 ; MISHRA *et al.*, 2013 ; DENG *et al.*, 2016 ; TEKETE *et al.*, 2020), il est important de trouver des sources de résistance adaptées aux conditions de riziculture au Burkina Faso. En effet, neuf (09) races africaines de *Xoo* ont été caractérisées et deux (A1 et A2) d'entre elles sont présentes au Burkina Faso (GONZALEZ *et al.*, 2007 ; TEKETE *et al.*, 2020). Les travaux de GONZALEZ *et al.* (2007) ont montré que les lignées isogéniques IRBB4 (*Xa4*), IRBB5 (*xa5*) et IRBB7 (*Xa7*) sont résistantes contre les races A1, A2 et A3 en conditions d'inoculation artificielles.

Dans le but d'identifier des sources de résistance adaptées à la diversité des souches *Xoo* présentes au Burkina Faso, un criblage en conditions semi contrôlées de 11 variétés locales de riz, a révélé que les variétés de riz pluvial FKR19, FKR43, FKR45N (NERICA12), FKR47N (NERICA17) et FKR49N (NERICA13) sont résistantes aux races A1, A2 et A3 (WONNI *et al.*, 2016). De façon intéressante, la résistance de ces variétés élites est spécifique (une réaction d'hypersensibilité) et s'exprime à tous les stades de développement de la plante (WONNI *et al.*, 2016).

Cependant, avant tout déploiement de ces variétés dans des programmes d'amélioration variétale ou leur diffusion à grande échelle, il est primordial d'évaluer la stabilité de leur résistance au champ. En outre, pour lutter efficacement contre cette bactériose, il est important

de disposer d'une gamme variée de gènes de résistance, eu égard au phénomène de contournement de résistance face à la dynamique évolutive des populations pathogènes dans le contexte actuel de changement climatique.

Pour ce faire, cette étude vise à (i) évaluer l'efficacité de la résistance des variétés élites de riz sur les plaines de Di et de Bagré dans des parcelles de producteurs dans lesquelles une forte incidence de la BLB avait été observée durant plusieurs années consécutives et (ii) identifier de nouvelles sources de résistance efficaces par le criblage d'une trentaine de lignées portant un ou plusieurs gènes de résistance avec la souche BAI3 (CFBP 7321), la plus virulente des souches de l'agent pathogène isolées au Burkina Faso.

## **I. Matériel et méthodes**

### **1.1. Matériel végétal et souche bactérienne**

Le criblage au champ a inclus en plus des variétés élites FKR19, NERICA12, NERICA13 et NERICA17, les parents de ces NERICAs (CG14, WAB50-56 et WAB181-18), les lignées isogéniques IR24, IRBB4, IRBB5 et IRBB7 et deux variétés sensibles (FKR56N et TS2) (Tableau 1).

Les 32 lignées isogéniques utilisées pour l'identification de nouvelles sources de résistance efficaces *ont* été fournies par l'IRRI et sont présentées dans le tableau 2. La souche utilisée pour le criblage de ces lignées est la souche BAI3 (CFBP 7321) de la race A1.

**Tableau 1** : Liste des variétés utilisées pour le criblage au champ

<b>Nom</b>	<b>Ecologie</b>	<b>Espèce</b>	<b>Parents</b>	<b>Réaction</b>	<b>Source</b>
FKR19	Pluvial/Irrigué	<i>O. sativa</i> sp. <i>japonica</i>	Mashuri x IET 1444	Résistant	INERA
FKR45N (NERICA 12)	Pluvial	<i>O. sativa</i> sp. <i>japonica</i> / <i>O. glaberrima</i>	CG14 X WAB56-50	Résistant	AfricaRice
FKR47N (NERICA17)	Pluvial	<i>O. sativa</i> sp. <i>japonica</i> / <i>O. glaberrima</i>	CG14 X WAB181-19	Résistant	AfricaRice
FKR49N (NERICA13)	Pluvial	<i>O. sativa</i> sp. <i>japonica</i> / <i>O. glaberrima</i>	CG14 X WAB56-50	Résistant	AfricaRice
FKR56N (NERICA-L-41)	Irrigué/Bas-fond	<i>O. sativa</i> sp. <i>indica</i> / <i>O. glaberrima</i>	TOG5681 X 4*IR64	Sensible	AfricaRice
CG14	Pluvial/Bas-fond	<i>O. glaberrima</i>	Non définis	Sensible	AfricaRice
WAB50-56	Pluvial	<i>O. sativa</i> sp. <i>japonica</i>	Non définis	Résistant	AfricaRice
WAB181-18	Pluvial	<i>O. sativa</i> sp. <i>japonica</i>	Non définis	Résistant	AfricaRice
IRBB4	Irrigué	<i>O. sativa</i> sp. <i>indica</i>	IR24 contenant Xa4	Résistant	IRRI
IRBB5	Irrigué	<i>O. sativa</i> sp. <i>indica</i>	IR24 contenant xa5	Résistant	IRRI
IRBB7	Irrigué	<i>O. sativa</i> sp. <i>indica</i>	IR24 contenant Xa7	Résistant	IRRI
TS2	Non définie	Non définie	Non définis	Sensible	INERA

**Tableau 2** : Liste des 32 lignées portant un ou plusieurs gènes de résistance fournies par l'IRRI

Code	Lignées	Gènes de résistance	Code	Lignées	Gènes de résistance
V1	IRBB1	<i>Xa1</i>	V17	IRBB53	<i>xa5+xa13</i>
V2	IRBB3	<i>Xa3</i>	V18	IRBB54	<i>xa5+Xa21</i>
V3	IRBB4	<i>Xa4</i>	V19	IRBB55	<i>xa13+Xa21</i>
V4	IRBB5	<i>xa5</i>	V20	IRBB56	<i>Xa4+xa5+xa13</i>
V5	IRBB7	<i>Xa7</i>	V21	IRBB57	<i>Xa4+xa5+Xa21</i>
V6	IRBB8	<i>xa8</i>	V22	IRBB58	<i>Xa4+xa13+Xa21</i>
V7	IRBB10	<i>Xa10</i>	V23	IRBB59	<i>xa5+xa13+Xa21</i>
V8	IRBB11	<i>Xa11</i>	V24	IRBB60	<i>Xa4+xa5+xa13+Xa21</i>
V9	IRBB13	<i>xa13</i>	V25	IRBB61	<i>Xa4+xa5+Xa7</i>
V10	IRBB14	<i>Xa14</i>	V26	IRBB62	<i>Xa4 +Xa7+Xa21</i>
V11	IRBB21	<i>Xa21</i>	V27	IRBB63	<i>Xa3+Xa7+xa13</i>
V12	IRBB23	<i>Xa23</i>	V28	IRBB64	<i>Xa4+xa5+Xa7+Xa21</i>
V13	IRBB27	<i>Xa27</i>	V29	IRBB65	<i>Xa4+Xa7+xa13+Xa21</i>
V14	IRBB50	<i>Xa4+xa5</i>	V30	IRBB66	<i>Xa4+xa5+Xa7+xa13+Xa21</i>
V15	IRBB51	<i>Xa4+xa13</i>	V31	IRBB67	<i>Xa4+Xa7</i>
V16	IRBB52	<i>Xa4+xa21</i>	V32	IR24	<i>Xa18</i>

## 1.2. Sites expérimentaux

Le criblage au champ a été conduit sur les sites rizicoles de Di dans la vallée du Sourou (entre 13°00' et 13°18' de latitude Nord et entre 3°20' et 3°30' de longitude Ouest) et de Bagré (entre 11°12' et 11°53' de latitude Nord et entre 0°14' et 0°50' de longitude Ouest) au cours de la saison humide 2017, 2018 et 2019.

Le périmètre irrigué de Di avec 3.280 ha de terres aménagées, est le plus grand périmètre irrigué de la vallée du Sourou d'une superficie totale aménagée de 6.558 ha sur un potentiel aménageable de 30.000 ha (BAZILE *et al.*, 2018). La vallée du Sourou située dans la partie Nord-Ouest du pays, doit son nom au Sourou un cours d'eau transfrontalier de 150 Km qui prend sa source au Mali et le parcours sur 90 km pour se jeter dans le fleuve Mouhoun au Burkina Faso après un parcours de 60 km (Bazile *et al.*, 2018). Elle a une pluviométrie comprise entre 550 et 900 mm, et présente une diversité de sols dont les plus dominants sont les sols bruns, les sols hydromorphes, les sols peu évolués d'apport alluvial et les vertisols avec une bonne teneur minérale (YERIMA, 2017 ; BAZILE *et al.*, 2018).

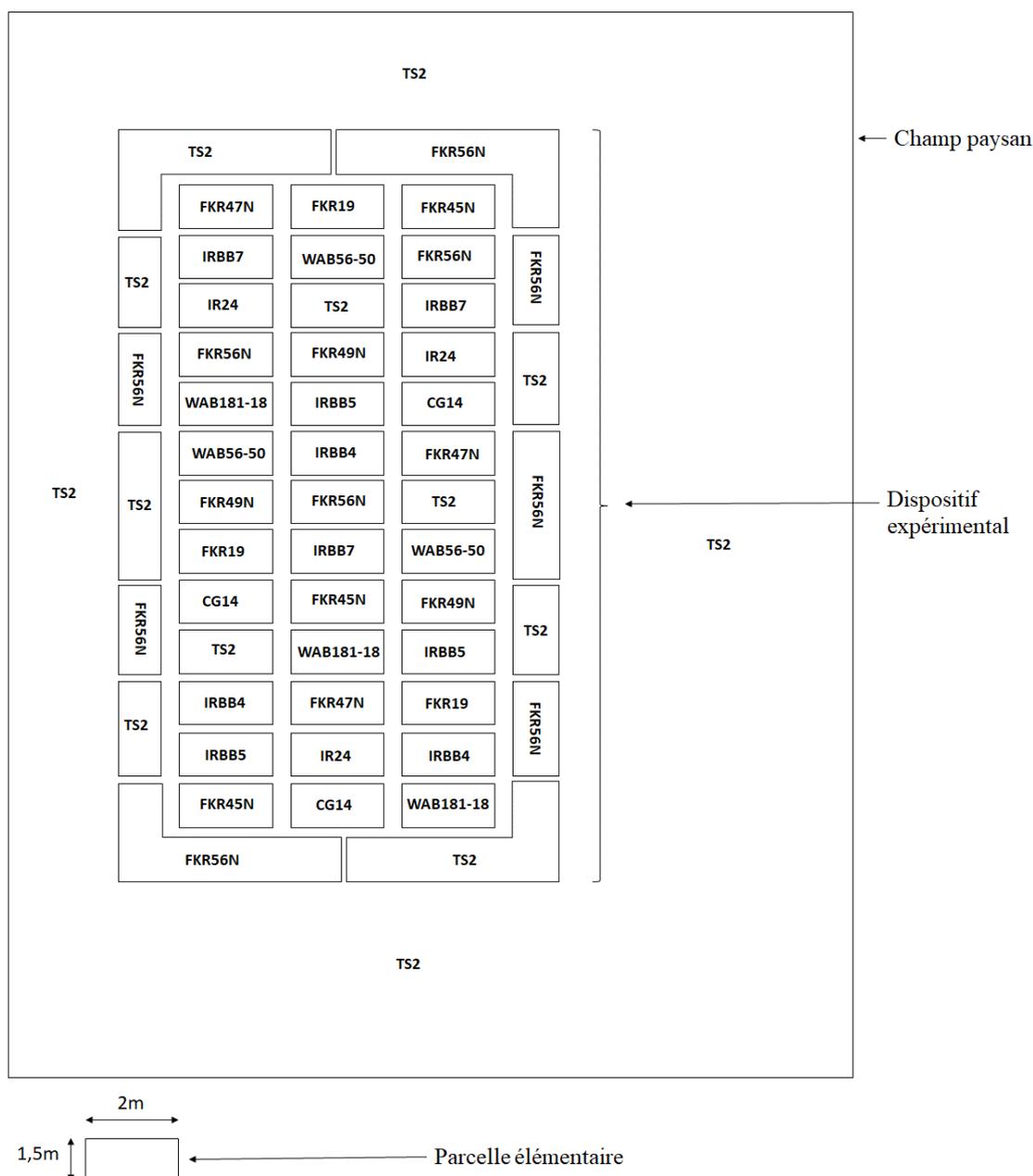
Le périmètre irrigué de Bagré concerne la moyenne vallée du fleuve Nakanbé sur près de 90 km de long. Il est localisé dans la province du Boulgou, dans la région du Centre-Est, près des frontières du Ghana et du Togo (OUEDRAOGO et SEDOGO, 2014 ; BAGREPOLE, 2016). Avec un potentiel en terres irrigables estimé à environ 30.000 ha, le périmètre de Bagré dispose actuellement d'une superficie aménagée de 3.380 ha alimentée par le barrage de Bagré (OUEDRAOGO et SEDOGO, 2014; BAZIN, 2017). La zone est soumise à un climat tropical de type soudanien avec une pluviométrie variant de 700 à 800 mm. Les sols y sont diversifiés avec principalement les sols latéritiques, ferrugineux à concrétions, colluviaux et hydromorphes allu-colluviaux (BAGREPOLE, 2016).

## 1.3. Méthodes

### 1.3.1. Criblage des variétés élites au champ

Pour évaluer l'efficacité de la résistance des variétés élites qui ont montré une résistance stable et large aux souches africaines de *Xoo* en conditions d'infection artificielles de laboratoire, des essais ont été implantés dans des parcelles de producteurs dans lesquelles une forte incidence de la BLB avait déjà été observée durant plusieurs années consécutives lors de nos campagnes d'épidémiologie-surveillance de la maladie à Di et à Bagré. Le dispositif utilisé a été un bloc complètement randomisé à trois répétitions, entouré d'une bande infestante constituée des variétés sensibles TS2 et FKR56N. Chaque parcelle élémentaire a une longueur de 2 m et une largeur de 1,5 m (Figure 1). Les opérations de mise en place et de traitement des essais ont été effectuées conformément aux pratiques du producteur comme suit :

- Un désherbage chimique à l'aide de l'herbicide Gramoxone (ou paraquat de la famille des pyridines) (2 L/ha) est appliqué dans le champ avant le labour et après la mise en boue ;
- Les plantules âgées de 15-20 jours sont repiquées avec un écartement de 20 cm entre elles ;
- L'épandage de l'engrais NPK14-23-14 (200kg/ha) a lieu une semaine après le repiquage. Une première application de l'urée 46% (200kg/ha) a lieu trois semaines après le repiquage et sa deuxième application a lieu trois semaines après la première application ;
- Le Decis (Dethametrine, 1L/ha) est appliqué au stade épiaison des plantes de riz.



**Figure 1:** Plan de l'essai pour l'évaluation de la résistance des variétés élites au champ, implanté à Di et à Bagré

### 1.3.2. Criblage des lignées en conditions semi contrôlées

#### 1.3.2.1. Mise en place de l'essai

Afin d'identifier de nouvelles sources de résistance efficaces qui seront des génotypes candidats pour l'amélioration variétale du riz à la BLB, 32 lignées isogéniques développées par l'IRRI dont 14 à gène unique et 18 à gènes pyramidés, ont été criblées avec la souche BAI3. Ces lignées isogéniques dénommées IRBB (International Rice Bacterial Blight) ont été développées par l'IRRI à partir de la lignée parentale sensible IR24 dans laquelle ont été introgressés par rétro-croisements successifs des gènes de résistance à la BLB issus de divers parents résistants. Pour ce faire, les graines des lignées ont d'abord été prégermées dans des boîtes de Pétri sur du papier Whatman humidifié, puis transférées dans des pots en raison d'une plantule par pot dans de la terre préalablement stérilisée. La terre utilisée est de la terre de rizière enrichie avec du terreau et la stérilisation a été effectuée en chauffant la terre dans un fût métallique avec du bois pendant au minimum 1h30 mn tout en mélangeant périodiquement. L'engrais NPK14-23-14

(0,5 g/pot) a été apporté trois jours après et l'urée 46% (0,5g/pot) trois semaines après le repiquage. Chaque lignée a été répétée trois fois.

### 1.3.2.2. Méthode d'inoculation

Après 21 jours d'âge, les deux dernières feuilles de chaque plante ont été inoculées avec une suspension bactérienne de  $10^8$  bactéries/ml de la souche BAI3 à l'aide de la méthode « leaf clipping ». Cette méthode consiste à tremper les lames d'une paire de ciseaux dans la suspension bactérienne, puis à couper l'extrémité de la feuille à environ 2 cm de la pointe. Les lésions ont été mesurées sept jours et 21 jours après infection (JAI) à l'aide d'une règle graduée en centimètres (cm) et les réactions des lignées ont été définies selon l'échelle de l'IRRI. **Résistante (R)**: lésion de 0-5 cm; **Modérément Résistante (MR)**: lésion de 5-10 cm; **Modérément Sensible (MS)**: lésion de 10 à 15 cm et **Sensible (S)**: lésion de plus de 15 cm.

## II. Résultats et discussion

### 2.1. Criblage des variétés élites au champ

Les essais au champ sur l'évaluation de l'efficacité de la résistance des variétés élites ont été suivis tout au long de la croissance des plantes. Les observations ont toutefois été plus accentuées à partir du stade de tallage maximal, stade à partir de laquelle les symptômes de la brûlure des feuilles apparaissent généralement (NONO-LIU *et al.*, 2006 ; OEPP, 2007). Les observations effectuées durant les trois années d'essais c'est-à-dire en 2017, 2018 et 2019 n'ont pas révélé la présence de symptômes sur l'ensemble des variétés testées (variétés élites et variétés sensibles) dans notre dispositif expérimental aussi bien à Di qu'à Bagré. Néanmoins, des foyers de la maladie ont été observés sur la parcelle du producteur dans laquelle était implanté notre essai à Bagré en 2017 et 2018. Cette présence localisée de la maladie à certains endroits de la parcelle pourrait s'expliquer par une transmission de la maladie à partir des semences (SAKTHIVEL *et al.*, 2001 ; TIAN *et al.*, 2014). En effet, le producteur a confirmé la conservation et l'utilisation des semences d'une année à une autre. Le fait que la maladie ne s'est pas propagée sur toute la parcelle du producteur et n'a pas atteint notre dispositif expérimental, pourrait s'expliquer par l'absence d'exsudats bactériens, le plus souvent dispersés par les vents forts et les insectes vecteurs (NINO-LIU *et al.*, 2006). En outre, l'absence de symptômes de la maladie sur l'ensemble des variétés testées à Di et à Bagré dans nos essais durant les trois saisons successives (2017, 2018 et 2019) serait également due à l'utilisation de semences indemnes de *Xoo*. Par ailleurs, l'absence de sources de conservation (pailles de riz et mauvaises herbes hôtes) et vecteurs dans la parcelle expérimentale et/ou les parcelles voisines pourrait limiter la dissémination et la transmission de la maladie. En effet, en plus des pailles de riz, de nombreux Poacées sauvages ou peu cultivées (*Leersia* spp, *Leptochloa* spp., *Oryza* spp., *Paspalum scrobiculatum*, *Zizania latifolia*, *Zoysia* spp.) assurent la survie de la bactérie en absence de plantes de riz et constituent les sources potentielles d'inoculum primaire dès la mise en place des champs de riz (NINO-LIU *et al.*, 2006). De plus, des insectes entre autres *Leptocorisa acuta*, *Nephotettix virescence* et *Hieroglyphus banian* sont reconnus dans la dissémination du BLB (MOHIUDDIN *et al.*, 1976, MURTY et DEVADATH, 1981).

D'après GAYRARD *et al.* (2019), les mélanges variétaux ont pour avantage de maintenir la résistance variétale en limitant son contournement. En effet, les variétés TS2 et FKR56N, utilisées comme témoins, sont sensibles en conditions de monoculture. En outre, le suivi des parcelles emblavées avec la variété FKR19 pendant les trois saisons de culture à Bagré, a montré que cette variété était indemne de BLB. Par conséquent, la combinaison de plusieurs variétés dans un même essai variétal pourrait avoir un impact sur leur comportement vis-à-vis du BLB.

Bien que les traits génétiques des variétés élites ne soient pas connus, leur résistance serait due à la présence d'un ou de plusieurs gènes de résistance. En effet, le phénotype des variétés élites résistantes en conditions d'inoculation artificielles, sont des « Réactions d'hypersensibilité » caractéristiques de l'interaction entre un gène de résistance qui agit contre un gène de virulence de l'agent pathogène (WONNI *et al.*, 2016). Contrairement aux lignées IRRB dont la résistance s'exprime par une longueur de lésion inférieure à 5 cm selon l'échelle de l'IRRI, les variétés élites auraient des gènes de résistance différents de *Xa4*, *xa5* et *Xa7*.

## 2.2. Criblage des lignées isogéniques en conditions semi contrôlées

Les 32 lignées criblées avec la souche *Xoo* BAI3 se différencient en sept catégories selon leurs phénotypes à 14 JAI et 21 JAI (Tableau 3) que sont :

- Résistantes à 14 et 21 JAI : IRBB57, IRBB60 et IRBB63 ;
- Résistantes ou moyennement résistantes à 14 JAI et moyennement résistantes à 21 JAI: IRBB3, IRBB50, IRBB56, IRBB61, IRBB64, IRBB65, IRBB66, IRBB67, IRBB1, IRBB8, IRBB11 et IRBB52 ;
- Moyennement résistantes ou moyennement sensibles à 14 JAI et moyennement sensibles à 21 JAI: IRBB4, IRBB10, IRBB14, IRBB21, IRBB23, IRBB53, IRBB54, IRBB58, IRBB5, IRBB7, IRBB27, IRBB59 et IRBB62 ;
- Moyennement sensibles ou sensibles à 14 JAI et sensibles à 21 JAI: IRBB13, IRBB51, IRBB55 et IR24.

Au regard de ces résultats, les lignées isogéniques IRBB57 (*Xa4+xa5+Xa21*), IRBB60 (*Xa4+xa5+xa13+Xa21*) et IRBB63 (*Xa3+Xa7+xa13*) ont une résistance stable puisqu'elles n'ont pas manifesté de symptômes au-delà de 21 JAI. En effet, elles portent au moins l'un des trois gènes (*Xa4*, *xa5* et *Xa7*) de résistance révélés efficaces contre les souches africaines de *Xoo* (GONZALEZ *et al.*, 2007). Toutefois, ces gènes pris individuellement n'ont pas été en mesure d'assurer une résistance stable contre la souche BAI3 à l'exception du gène *Xa3* qui a montré une résistance élevée et une résistance moyenne respectivement à 14 JAI et 21 JAI (Tableau 3). L'efficacité de la résistance des lignées IRBB57, IRBB60 et IRBB61 pourrait s'expliquer par une action synergique et/ou une complémentarité quantitative entre les différents gènes de résistance entraînant une augmentation du niveau de résistance (DOKKU *et al.*, 2013; PRADHAN *et al.*, 2015). De plus, la stabilité de la résistance serait liée à la combinaison de gènes de résistance ayant des modes d'action différents (SUH *et al.*, 2013 ; PRADHAN *et al.*, 2015).

**Tableau 3** : Réactions des 32 lignées isogéniques à la souche *Xoo* BAI3

Lignées	Gènes de résistance	Phénotypes		Lignées	Gènes de résistance	Phénotypes	
		14 JAI	21 JAI			14 JAI	21 JAI
<b>IRBB1</b>	<i>Xa1</i>	MR	MR	<b>IRBB53</b>	<i>xa5+xa13</i>	MR	MS
<b>IRBB3</b>	<i>Xa3</i>	R	MR	<b>IRBB54</b>	<i>xa5+Xa21</i>	MR	MS
<b>IRBB4</b>	<i>Xa4</i>	MR	MS	<b>IRBB55</b>	<i>xa13+Xa21</i>	MS	S
<b>IRBB5</b>	<i>xa5</i>	MS	MS	<b>IRBB56</b>	<i>Xa4+xa5+xa13</i>	R	MR
<b>IRBB7</b>	<i>Xa7</i>	MS	MS	<b>IRBB57</b>	<i>Xa4+xa5+Xa21</i>	R	R
<b>IRBB8</b>	<i>xa8</i>	MR	MR	<b>IRBB58</b>	<i>Xa4+xa13+Xa21</i>	MR	MS
<b>IRBB10</b>	<i>Xa10</i>	MR	MS	<b>IRBB59</b>	<i>xa5+xa13+Xa21</i>	MS	MS
<b>IRBB11</b>	<i>Xa11</i>	MR	MR	<b>IRBB60</b>	<i>Xa4+xa5+xa13+Xa21</i>	R	R
<b>IRBB13</b>	<i>xa13</i>	MS	S	<b>IRBB61</b>	<i>Xa4+xa5+Xa7</i>	R	MR
<b>IRBB14</b>	<i>Xa14</i>	MR	MS	<b>IRBB62</b>	<i>Xa4 +Xa7+Xa21</i>	MS	MS
<b>IRBB21</b>	<i>Xa21</i>	MR	MS	<b>IRBB63</b>	<i>Xa3+Xa7+xa13</i>	R	R
<b>IRBB23</b>	<i>Xa23</i>	MR	MS	<b>IRBB64</b>	<i>Xa4+xa5+Xa7+Xa21</i>	R	MR
<b>IRBB27</b>	<i>Xa27</i>	MS	MS	<b>IRBB65</b>	<i>Xa4+Xa7+xa13+Xa21</i>	R	MR
<b>IRBB50</b>	<i>Xa4+xa5</i>	R	MR	<b>IRBB66</b>	<i>Xa4+xa5+Xa7+xa13+Xa21</i>	R	MR
<b>IRBB51</b>	<i>Xa4+xa13</i>	MS	S	<b>IRBB67</b>	<i>Xa4+Xa7</i>	R	MR
<b>IRBB52</b>	<i>Xa4+xa21</i>	MR	MR	<b>IR24</b>	<i>Xa18</i>	S	S

## Conclusion et perspectives

Les variétés élites identifiées résistantes en conditions d'infection artificielles à la diversité des races de *Xoo* présentes au Burkina Faso, n'ont manifesté aucun symptôme de BLB pendant trois saisons successives sur des sites dans lesquelles une forte incidence de la maladie avait été observée durant des années consécutives. Toutefois, il est difficile de trancher sur la résistance de ces variétés dans de telles conditions, car des variétés sensibles (TS2, FKR56N) incluses dans le dispositif expérimental ont également été indemnes de maladie. Cependant, ces variétés sont bien sensibles au champ lorsqu'elles sont utilisées en monoculture. Par ailleurs, la variété FKR19 en culture pure dans des parcelles paysannes à Di et à Bagré n'a manifesté aucun symptôme au cours des trois saisons. Par conséquent, pour une meilleure évaluation de la résistance/sensibilité des variétés élites, il faudra envisager une évaluation dans un dispositif à bloc simple comportant une seule variété.

Le criblage de la diversité de lignées isogéniques IRBBs a révélé que la combinaison d'au moins trois des gènes *Xa4*, *xa5*, *Xa21* et *Xa3* est efficace contre la souche BAI3. Cette souche étant la plus virulente des souches de *Xoo* jusqu'à présent isolées au Burkina Faso, le pyramidage de ces gènes dans des variétés de riz pourrait assurer un contrôle efficace et durable de la bactériose vasculaire.

## Références bibliographiques

- BAGREPOLE, 2016. Cadre de gestion environnementale et sociale du projet Pôle de Croissance de Bagré. Rapport final. 179 p.
- BASSO A., ONASANYA A., ISSAKA S., SIDO A. Y., HAUGUI A., ADAM T., SÉRÉ Y., SAADOU M., 2011. Le flétrissement bactérien du riz au Niger: diversité pathologique d'isolats collectés sur les périmètres irrigués. *Journal of Applied Biosciences* 38: 2551-2563
- BAZILE A. C., ENJALBERT J., MARY M., VENNAT B., 2019. Rôles et place des sociétés d'aménagement dans le développement de l'irrigation en Afrique de l'Ouest. Diagnostic institutionnel spécifique de l'autorité de mise en valeur de la vallée du Sourou. Rapport d'études. 13 p.
- BAZIN, 2017. Analyse des systèmes de production du périmètre irrigué de Bagré (Burkina Faso). Rapport final. Global Water Initiative-Afrique de l'Ouest. 92 p.
- COULIBALY N. D., 2008. Relation longueur-poids chez quatre espèces de poissons de la rivière Sourou au Burkina Faso. *International Journal of Biological and Chemical Sciences*, 2(3): 331-338.
- CHEN X. L., YU L., GAO L. L., JIANG T., LI Q. Y., HUANG Q. 2012. Elevational variation in diversity of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* in South-West China. *Journal of Phytopathology*, 160(6):261-268.
- DENG W-L., LIN H-A., SHIH Y-C., KUO C-C., TZENG J-Y., LIU L. D., HUANG S-T., HUANG C-M., CHUNG C-L., 2016. Genotypic and pathotypic diversity of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* strains in Taiwan. *Journal of Phytopathology*, 164 (10): 745-759.
- DOKKU P., DAS K. M., RAO G. J.N., 2013. Pyramiding of four resistance genes of bacterial blight in Tapaswini, an elite rice cultivar, through marker-assisted selection. *Euphytica*, 192 :87-96.
- GAVRARD M., BLOCAILLE S., DELVAL PH., 2019. Associer plusieurs variétés de la même espèce pour diversifier une culture.

<https://ecophytopic.fr/pic/prevenir/associer-plusieurs-varietes-de-la-meme-espece-pour-diversifier-une-culture>, vu le 21-06-2021.

GONZALEZ C., SZUREK B., MANCEAU C., MATHIEU T., SERE Y., VERDIER V., 2007. Molecular and pathotypic characterization of new *Xanthomonas oryzae* strains from West Africa. *The American Phytopathology Society*, 20(5):534-546.

INSTITUT DU SAHEL, 1991. Les ennemis des cultures vivrières dans le Sahel. CILSS. 93 p.

KABORE K. B., OUEDRAOGO S. L., 1998. Rapport de mission technique d'appui à Bagré, 4p.

KUMAR A., KUMAR R., SENGUPTA D., DAS S.N., PANDEY M. K., BOHRA A., SHARMA N. K., SINHA P., SK H., GHAZI I. A., LAHA G. S., SUNDARAM R. M., 2020. Deployment of genetic and genomic tools toward gaining a better understanding of rice-*Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* interactions for development of durable bacterial blight resistant rice. *Frontiers in Plant Science*, 11:1152.

LI G., SONG C-F., PANG X-M., YANG Y., WANG J-S., 2009. Analysis of pathotypic and genotypic diversity of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* in China. *Journal of Phytopathology*, 157(4):208-218.

MEW T.W., ALVAREZ A.M., LEACH J.E., SWINGS J., 1993. Focus on bacterial blight of rice. *Plant Dis. Rep* 77, 5-12.

MISHRA D., VISHNUPRIYA M.R., ANIL M. G., KONDA K., RAJ Y., SONTI R. V., 2013. Pathotype and genetic diversity amongst indian isolates of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*. *PLOS ONE*, 8(11): e81996.

MOHIUDDIN, M. S., RAO, Y. P., MOHAN, S. K., VERMA, J. P., 1976. Role of *Leptocorisa acuta* Thun in the spread of bacterial blight of rice. *Current Science*, 45: 426-427.

MURTY, V. S. T. AND DEVADATH, S., 1981. Studies on the transmission and survival of *Xanthomonas campestris* pv. *oryzae* through insects. *Indian Phytopathology*. 34: 162-163.

NODA T., LI C. LI J., OCHIAI H., ISE K., KAKU H., 2001. Pathogenic diversity of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* strains from Yunnan province, China. *Jpn. Agric. Res. Q.* 35, 97-103.

NONO-LIU D. O., RONALD P. C., BOGDANOVA A. J., 2006. *Xanthomonas oryzae* pathovars : model pathogens of a model crop. *Molecular Plant Pathology*, 7(5):303-324.

OEPP, 2007. A diagnostic protocol for *Xanthomonas oryzae* pathovars *oryzae* and *oryzicola*. *Bulletin* 37, 543-553.

OUEDRAOGO, S. L., SOMDA, I., BORO, F., SERE, Y., 2004. Détection et caractérisation des bactéries phytopathogènes transmises par les semences du riz au Burkina Faso, (ASIA), *Agronomie Africaine*, 16(2): 9-17.

OUÉDRAOGO O., SEDOGO S. A., 2014. Les enjeux pour les petits producteurs dans l'irrigation à grande échelle, le cas du barrage de Bagré au Burkina Faso. Rapport final. 82 p.

PRADHAN S. K., NAYAK D. K., MOHANTY S., BEHERA L., BARIK S. R., PANDIT E., LENKA S., ANANDA A., 2015. Pyramiding of tree bacterial blight resistance genes for broad-spectrum resistance in deeperwater variety, Jalmagna. *Rice a Springer Open Journal*, 8(1)19. 14p

SAKTHIVEL N., MORTENSEN C. N., MATHUR S. B., 2001. Detection of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* in artificially inoculated and naturally infected rice seeds and plants by molecular techniques. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 56: 435-441.

- SARRA S., DIARRA L., DEMBELE M., COULIBALY M. M., SÉRÉ Y., 2010. Characterization of bacterial leaf blight epidemic in the Office du Niger (Mali) and search for a sustainable resistance against the pathogen. Second Africa Rice Congress, Bamako, Mali, 22-26 March 2010: Innovation and Partnerships to Realize Africa's Rice Potential. 5.2.1-5.2.8.
- SILESHI G. W., GEBEYEHU S., 2021. Emerging infectious diseases threatening food security and economies in Africa. *Global Food Security* 28 (2021) 100479. 9p
- SOMDA J., ZONON A., OUADBA J. M., HUBERMAN D., 2010. Valeur économique de la vallée du Sourou: une évaluation préliminaire. Rapport d'étude. 46 p.
- SUH J-P., JEUNG J-L., NOH T-H., CHO Y-C., PARK S-H., PARK H-S., SHIN M-S., KIM C-K., JENA K. K., 2013. Development of breeding lines with three pyramided resistance genes that confer broad-spectrum bacterial blight resistance and their molecular analysis in rice. *Rice a Springer Open Journal*, 6(1)5. 11p
- TIAN Y., ZHAO Y., XU R., LIU F., HU B., WALCOTT R. R., 2014. Simultaneous detection of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* and *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzicola* in rice seed using a padlock probe-based assay. *Phytopathology*, 104: 1130-1137.
- TEKETE C., CUNNAC S., DOUCOURE H., DEMBELE M., KEITA I., SARRA S., KARIM D., KOITA O., VERDIER V., 2020. Characterization of new races of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* in Mali informs resistance gene deployment. *Phytopathology*, 110(2). 267-277
- WONNI, 2013. Les bactérioses du riz dues à *Xanthomonas oryzae* au Burkina Faso. Doctorat de l'Université Montpellier 2. Biologie Intégrative des Plantes. Ecole doctorale SIBAGHE. Montpellier, France. 226 p.
- WONNI I., HUTIN M., OUÉDRAOGO L., SOMDA I., VERDIER V., SZUREK B., 2016. Evaluation of elite rice varieties unmasks new sources of bacterial blight and leaf streak resistance for Africa. *Rice research*, 4:162
- YERIMA M., 2017. Optimisation de l'allocation des eaux de surface dans une vision prospective: application du modèle WEAP21 dans la vallée du Sourou au Burkina Faso. Mémoire de master en ingénierie de l'eau et de l'environnement. Institut International d'Ingénierie de l'Eau et de l'Environnement. Ouagadougou, Burkina Faso. 78 p.