

## Lignées spécifiques de *Magnaporthe oryzae*

L'étude des structures génétiques des populations pathogènes, en lien avec des traits d'histoire de vie tels que le mode de reproduction, l'étendue des hôtes ou la résistance aux traitements, est essentielle pour comprendre l'émergence et la propagation des maladies infectieuses. Parmi les pathogènes des plantes, le champignon ascomycète *Magnaporthe oryzae*, responsable de la maladie du "blast" sur de nombreuses espèces de graminées cultivées et sauvages, constitue un modèle d'intérêt. Bien que ce pathogène soit principalement étudié pour ses effets dévastateurs sur le riz (*Oryza sativa*), il infecte également d'autres cultures céréalières, telles que le blé, l'orge et le millet, ainsi que des graminées comme le ray-grass et l'herbe de Saint-Augustin.

Les recherches antérieures ont montré que *M. oryzae* est subdivisé en plusieurs lignées spécifiques à leurs hôtes, avec une divergence génétique probablement liée aux changements d'hôtes.

Cette étude vise à approfondir la compréhension de la structure génétique de plusieurs isolats de *Magnaporthe* (**voir tableau**), issus de différentes espèces hôtes, pour déterminer s'ils forment des lignées hôtes-spécifiques et évaluer l'existence d'espèces cryptiques au sein de *M. oryzae*.

En bref:

On cherche à comprendre la structure des populations de *M. oryzae*.

- Quel est le lien entre l'hôte et la structuration de la population?
- Y a-t-il des espèces cryptiques qui se détachent du reste de la population de *M. oryzae* ou bien *M. oryzae* n'est constitué que d'une seule espèce, indépendamment de son hôte?