

RESIPATH

Réponses des Forêts Européennes et de la Société aux Pathogènes invasifs

DUREE
15/12/2013 - 14/12/2016

BUDGET
€ 201 911

Description du projet

1. Contexte

Les pathogènes invasifs en forêt surviennent généralement à large échelle affectant des espèces forestières ayant une large distribution en Europe. Dans ce projet, nous étudierons 4 pathosystèmes: l'orme et *Ophiostoma novo-ulmi*, le frêne et *Chalara fraxinea*, l'aulne et *Phytophthora alni*, le chêne et *Erysiphe alphitoides/Phytophthora cinnamomi*. Ces maladies ont été sélectionnées en raison de leur impact, de leurs différences de pathogénicité et de leur distribution actuelle. Les espèces forestières sélectionnées constituent une part importante de l'écosystème forestier et ont une valeur économique, récréative et culturelle. Pour étudier ces pathogènes, une approche multidisciplinaire est requise. La détermination de leur impact mais aussi l'évaluation de la réponse des espèces forestières à de telles invasions seront étudiés dans les 2 premiers groupes de travail (WP1 et WP2) du projet. En raison de l'impact économique et écologique important des pathogènes invasifs, il est important de les détecter précocement et d'identifier des mesures visant à limiter leur dispersion. Ces objectifs seront étudiés dans les WP3 et WP4, auxquels participent les partenaires belges (ILVO et CRAW). Le dernier groupe de travail (WP5) est consacré à la perception de l'impact des pathogènes forestiers invasifs par le public.

2. Objectifs généraux et questions scientifiques sous-jacentes

Le projet RESIPATH vise à étudier comment les forêts européennes ont été affectées et ont répondu aux pathogènes invasifs et à développer des moyens pour limiter leur impact. Les objectifs des groupes de travail dans lesquels les partenaires belges sont impliqués sont décrits ci-dessous.

Dans le WP3 nous étudierons le mécanisme d'hybridation chez les espèces de *Phytophthora*, phénomène plausible si l'on tient compte de l'hypothèse selon laquelle des espèces de *Phytophthora* qui étaient jadis séparées sont maintenant en contact en raison d'un accroissement du commerce international de plantes entre pépinières. Dans ces pépinières, des espèces de *Phytophthora* peuvent s'hybrider avec comme conséquence la formation de nouvelles espèces plus virulentes. Dans un premier temps, des méthodes sensibles de détection de ces hybrides et d'identification des espèces parents seront développées. Ensuite, l'hypothèse de la création et du transfert d'espèces hybrides via les pépinières sera étudiée. Une collection internationale d'espèces de *Phytophthora* provenant de différentes niches écologiques (forêts, rivières, pépinières) sera testée avec les méthodes développées pour détecter des hybrides et déterminer leur origine.

Dans le WP4 nous développerons des méthodes rapides de détection de champignons et d'oomycètes invasifs. Cette tâche implique la détection de pathogènes lorsqu'ils sont associés à des plantes lors du commerce international (essais de piégeage d'espèces de *Phytophthora*) mais aussi la détection de spores de champignons transportées sur de longues distances par le vent. Dans ce second cas, des capteurs de spores peu coûteux seront testés en association avec des techniques moléculaires de détection. L'objectif est de déterminer la faisabilité d'un réseau de capteurs de spores à dispersion aérienne.



RESIPATH

3. Méthodologie

Dans le WP3 la cytométrie de flux, où la taille du génome des hybrides candidats est déterminée et comparée à celle d'une espèce non hybride, sera utilisée. Cette méthode permettra aussi de détecter des fluctuations dans la taille du génome chez les hybrides instables. Une seconde méthode, le génotypage par séquençage (GBS) consistant en la détermination de la séquence flanquante de sites de restriction par séquençage haut débit (NGS) sera envisagée. En combinaison avec des données provenant d'espèces de référence non-hybrides, cela devrait permettre d'identifier des hybrides et leurs espèces parents. Ces méthodes seront appliquées à des isolats provenant de collections et nouvellement collectés.

Dans le WP4 des spores à dispersion aériennes seront capturées en utilisant 3 types de capteurs (Burkard, rotorod, filtres). Nous nous intéresserons plus particulièrement aux filtres car leur simplicité d'utilisation et leur faible coût devraient permettre de les utiliser à large échelle. En combinaison avec l'extraction de l'ADN et une technique NGS (séquençage d'amplicon de la zone rDNA ITS), l'identification d'un grand nombre de spores fongiques à l'échelle de l'espèce devrait être possible.

4. Nature de l'interdisciplinarité

Le projet RESIPATH aborde différents disciplines: écologie, sylviculture, horticulture, mycologie, phytopathologie, biologie moléculaire et sciences sociales.

5. Impact potentiel de la recherche sur le plan scientifique, sociétal et/ou en appui aux décisions

L'application des méthodes de cytométrie de flux et de séquençage haut débit (NGS) pour détecter et caractériser des espèces fongiques (invasives) est nouvelle et peut avoir un impact scientifique substantiel. Les méthodes obtenues et les résultats peuvent contribuer à une détection plus rapide des pathogènes invasifs et à une meilleure évaluation du risque que représente ces pathogènes. Ces deux éléments peuvent aider à la prise de décisions.

6. Description des produits finaux de la recherche (modèle, scénario, rapport, workshop, publication, etc.) à court et moyen termes.

Les résultats de la recherche seront communiqués au public via des rapports et des publications scientifiques.



COORDONNEES

Coordinateur

Kurt Heungens

Instituut voor Landbouw- en Visserijonderzoek (ILVO)
kurt.heungens@ilvo.vlaanderen.be

Partenaire

Anne Chandelier

Centre Wallon de Recherches Agronomiques (CRA-W)
a.chandelier@cra.wallonie.be

LIENS

Le projet est décrit en termes généraux sur le site web du coordinateur du projet international (SLU in Uppsala, Sweden).

<http://www.slu.se/en/departments/forest-mycology-plantpathology/resipath/>