

Un outil de surveillance sensible pour la détection en temps réel des agents pathogènes des arbres

Léa Lebert¹, Philippe Tanguay², Guillaume Bilodeau³, Anna Fijarczyk⁴, Louis Bernier¹, Ilga Porth¹

Introduction:

Le nord de l'Amérique est un point chaud pour les espèces invasives, causant des coûts extrêmement élevés. La flétrissure du chêne, causée par *Bretziella fagacearum*, a été détectée pour la première fois au Canada en Ontario, en juin 2023 (Fig. 1).

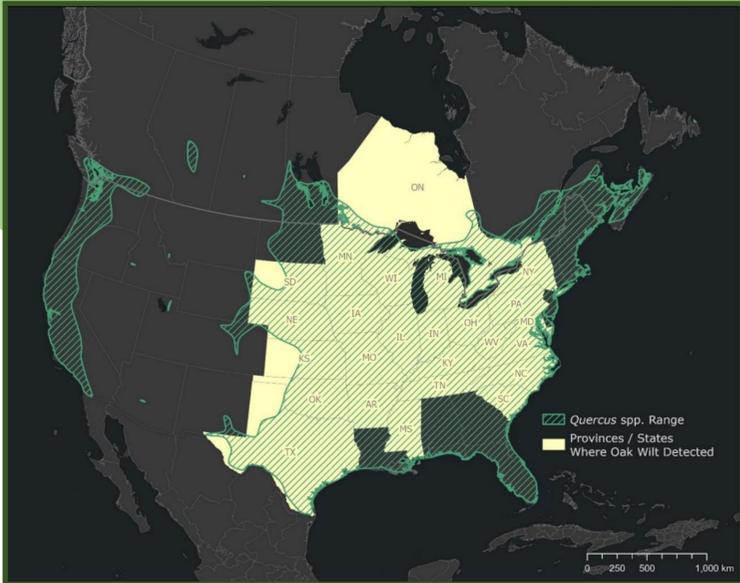


Fig. 1 : Les états/provinces ayant rapporté la présence de la flétrissure du chêne et l'aire de répartition de 26 espèces de chênes (Tischenko et al. 2024)

- La flétrissure du chêne est une maladie vasculaire causant la mort systématique des chênes rouges (dont *Quercus rubra*) (Fig. 2)
- Des similitudes génomiques existent entre les espèces de pathogènes responsables du flétrissement
- Cependant il existe des différences dans l'évolution du nombre de classes des gènes des métabolismes secondaires (polycétides synthases et terpènes par exemple) (Fig. 3)



Fig. 2 : A droite : arbre atteint par la flétrissure du chêne proche d'un arbre sain (University of Minnesota 2024) / En haut à gauche : Feuilles de chênes rouges saines ou symptomatiques (The Morton Arboretum 2024) / En bas à gauche : Tapis de sporulation (Williams 2022)

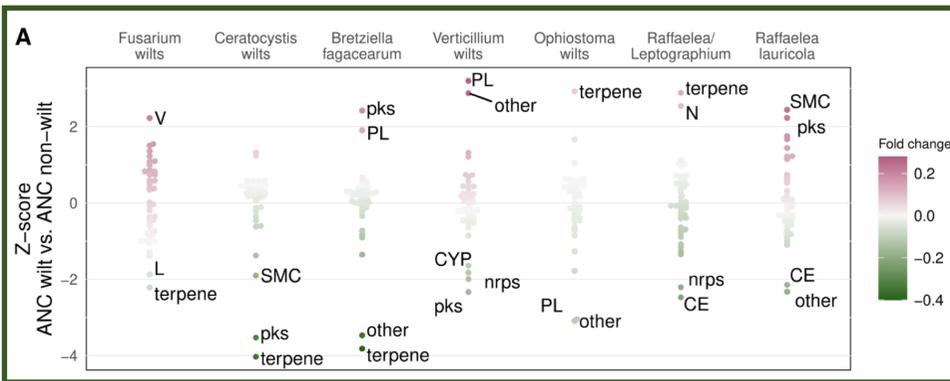


Fig. 3 : Rapports normalisés du nombre de gènes pour des classes de gènes dans les espèces causant le flétrissement par rapport à (A) leurs ancêtres communs les plus récents ne causant pas de flétrissement [V—mécanismes de défense ; L—réplication, recombinaison et réparation ; N—motilité cellulaire ; PL—lyases de polysaccharides ; CE—estérases de glucides ; CBM—modules de liaison aux glucides ; AA—activités auxiliaires ; pks—polycétides synthases ; nrps—synthétases de peptides non ribosomiaux ; SMC—clusters de métabolites secondaires ; CYP—oxydases du cytochrome P450] (Fijarczyk et al. 2022).

Objectifs:

Développer la détection précoce de la flétrissure du chêne en utilisant les profils de composés organiques volatils (COV) et lier ces résultats à la compréhension des voies métaboliques responsables de ces différences.

Méthodes:

(1) Analyse des profils de COV de *B. fagacearum*, de chênes *Q. rubra* sains et infectés en laboratoire

- pour les souches pures en utilisant une microextraction en phase solide (SPME) pour capter les molécules dans l'espace de tête (*headspace*) de boîtes de Petri
- pour les plants sains et infectés en utilisant deux types de tissu (branches; tronc), par une extraction active des COV (Fig. 4)
- analyse des COV par désorption thermique puis chromatographie en phase gazeuse couplée à une spectrométrie de masse (TD-GC-MS)

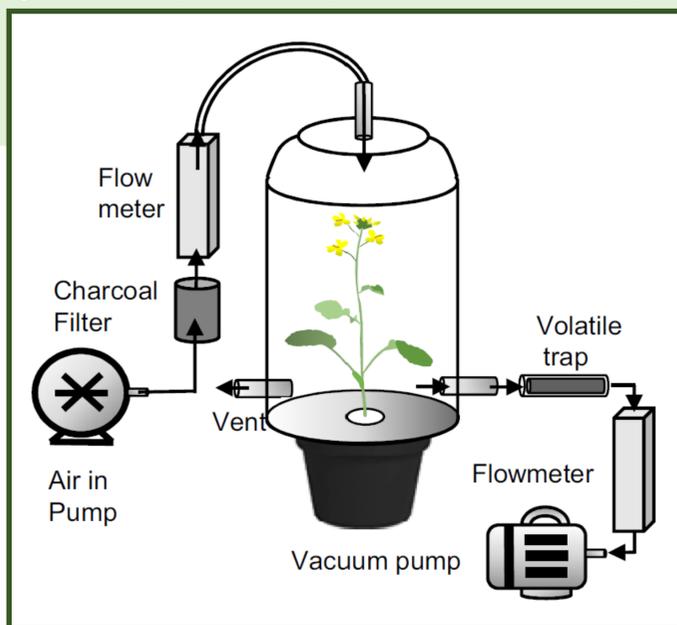


Fig. 4 : Schéma du type d'un système actif (Tholl et al. 2021)

(2) Analyse des transcriptomes produits par *B. fagacearum*, par des chênes *Q. rubra* sains et infectés

- échantillons provenant de ceux utilisés pour l'analyse des profils de COV (souches de *B. fagacearum*; branches; tronc)
- séquençage des ARN (RNA-seq) et analyse puis comparaison avec la production des COV

(3) Application sur le terrain aux Etats-Unis

- caractérisation de trois catégories d'arbres sains, symptomatiques et asymptomatiques
- enceintes hermétiques pour contenir nos échantillons (branches; tronc)
- SPME pour capter les molécules dans l'espace de tête de nos enceintes
- analyse des COV par TD-GC-MS

Résultats attendus:

Etapes

- | | |
|---|--|
| (1) Analyse des profils de COV en laboratoire | <ul style="list-style-type: none"> • Profils distincts de chaque espèce de champignon • Profils distincts entre plants sains et symptomatiques • Obtention de l'évolution des COV au cours de l'infection |
| (2) Analyse des transcriptomes | <ul style="list-style-type: none"> • Profils distincts entre les plants sains et symptomatiques • Intégration des données phénotypiques et génétiques liées à la production des COV |
| (3) Application sur le terrain | <ul style="list-style-type: none"> • Profils similaires à ce que l'on aura en laboratoire • Détection possible du champignon dans des arbres asymptomatiques |

Références:

Fijarczyk et al. 2022. *Journal of Fungi* doi:10.3390/jof9010002.
 University of Minnesota Extension. 2024. <https://extension.umn.edu/plant-diseases/oak-wilt-minnesota>.
 The Morton Arboretum. 2024. <https://mortonarb.org/plant-and-protect/tree-plant-care/plant-care-resources/oak-wilt/>.
 Tischenko et al. 2024. *Tree Genetics & Genomes*. doi:10.1007/s11295-024-01645-x
 Tholl et al. 2021. *The Plant Journal*, 106(2), 314-325. doi:10.1111/tpj.15176
 Williams 2022. <https://forestrynews.blogs.govdelivery.com/2022/06/22/on-the-lookout-for-oak-wilt-fruiting-bodies/>.

Affiliations:

Université Laval, FFGG, SBF, CEF : 1
 Ressources naturelles Canada : 2
 Agence canadienne d'inspection des aliments: 3
 Université Laval, FSG, Biologie : 4

