



Visite de Madame Frédérique VIDAL, Ministre de l'ESRI
20 juillet 2018 - Angers

Centre INRA Pays de la Loire



Une sélection de nos résultats de recherche en lien avec la réduction des produits phytosanitaires

- Diminuer les fongicides : une réalité tangible
- Utilisation des Stimulateurs de Défense des Plantes en verger
- Résistance à la tavelure du pommier
- Des pyramides contre la tavelure du pommier ?
- Un cheval de Troie dans les vergers
- Résistance du poirier à la tavelure et au psylle
- Trafic d'armes chez les bactéries phytopathogènes
- Bactéries pathogènes et non-pathogènes, une différence parfois ténue
- Un nouvel outil pour l'amélioration des plantes
- Transmission des bactéries par les semences
- Transmission d'agents phytopathogènes à la semence
- Microbiote des semences
- La graine : une source d'inoculum pour la plante
- Microbiote des semences
- Insecticide et activité cérébrale d'un ravageur
- L'expérience modifie le volume cérébral d'un papillon de nuit

Diminuer les fongicides : une réalité tangible

Contrôle de la tavelure du pommier grâce à l'association de différentes méthodes de lutte



La lutte contre la tavelure du pommier nécessite généralement entre 10 et 20 traitements fongicides par an, notamment à cause de la grande sensibilité des variétés les plus cultivées actuellement. La protection intégrée offre des perspectives intéressantes de réduction de l'usage des fongicides en se basant sur l'association de différentes méthodes de lutte : utilisation de variétés résistantes, prophylaxie et lutte fongicide raisonnée ciblée sur les risques majeurs d'infection.

Une expérimentation sur 5 ans a été menée pour évaluer l'efficacité de cette stratégie. Chaque année, l'efficacité du contrôle de la tavelure a été évaluée sur feuilles à la fin des

infections primaires et sur fruits à la récolte. Les résultats obtenus montrent :

- le maintien de l'efficacité du contrôle de la tavelure sur la variété Reine des Reinettes, vieille variété française, qui présente une résistance partielle à la tavelure,
- une durée d'efficacité prolongée pour la variété Ariane, dont la résistance *Rvi6* est contournée par des souches virulentes du champignon pathogène.

Cette association de méthodes de lutte permet une réduction de 50% du nombre d'applications fongicides par rapport à la variété Gala menée en Production Fruitière Intégrée.

Les essais ont été menés près d'Angers, région très favorable au développement de la tavelure, en présence de souches virulentes. On peut donc s'attendre à ce que cette stratégie d'association de différentes méthodes de lutte renforce et prolonge l'efficacité des résistances en vergers commerciaux.

Partenaires : ces résultats ont été obtenus grâce à une collaboration entre l'équipe de recherche EcoFun de l'UMR IRHS* et l'unité expérimentale Horticole du centre INRA Pays de la Loire.

Publication associée : Didelot F., Caffier V., Orain G., Lemarquand A., Parisi L. (2016). Sustainable management of scab control through the integration of apple resistant cultivars in a low-fungicide input system. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 217, 41-48. DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.agee.2015.10.023>.

Contact : Valérie Caffier, UMR IRHS, valerie.caffier@inra.fr

Utilisation des Stimulateurs de Défense des Plantes en verger

Une solution possible pour diminuer les pesticides



Le traitement des plantes par des Stimulateurs de Défense des Plantes (SDP) pourrait contribuer à la diminution des pesticides en aidant la plante à se défendre elle-même contre les maladies et les ravageurs. Des produits efficaces ont d'ores et déjà été repérés en laboratoire mais il reste difficile de les faire fonctionner au champ.

Cette étude s'est focalisée sur un de ces produits, l'acibenzolar-S-méthyl (ASM), pour tenter de le faire agir efficacement en verger dans la lutte contre la tavelure du pommier, maladie nécessitant à elle seule 15 à 20 traitements fongicides par an.

Le protocole d'intégration de ce SDP dans l'itinéraire cultural du pommier a consisté à appliquer de manière régulière le produit sur un programme allégé en fongicides au printemps. Il a permis une protection efficace vis-à-vis de la tavelure en supprimant 8 traitements fongicides, ce qui représente environ 45% des traitements. En parallèle, et dans l'objectif d'améliorer à l'avenir cette efficacité, divers facteurs ont été étudiés en serre. Un effet variétal a été observé, suggérant que le choix de la variété est un levier à considérer. Des traitements répétés semblent favoriser la protection, d'autant plus que cette dernière est plus faible dans les feuilles se développant dans les jours suivant le traitement que dans les feuilles directement traitées. Enfin, il a pu être montré que l'association de l'ASM avec un produit d'éclaircissage chimique, couramment utilisé en verger pour alléger la charge en fruits, améliore très nettement les effets de protection.

Partenaires : cette étude a été menée par l'UMR IRHS, en partenariat avec l'unité expérimentale Horticole, projet collaboratif FUI Defstim.

Publication associée : Marolleau B., Gaucher M., Heintz C., Degrave A., Warneys R., Orain G., Lemarquand A. and Brisset M.-N. (2017). When a plant resistance inducer leaves the lab for the field: Integrating ASM into routine apple protection practices. *Front. Plant Sci.* 8:1938. doi: 10.3389/fpls.2017.01938

Contact : Marie-Noëlle Brisset, UMR IRHS, marie-noelle.brisset@inra.fr

*UMR IRHS : Unité Mixte de Recherche (INRA - Agrocampus Ouest - Université d'Angers) Institut de Recherche en Horticulture et Semences

Résistance à la tavelure du pommier

Création d'une gamme de souches de référence internationale sur *Venturia inaequalis*



Les semences sont vectrices d'ensembles microbiens (aussi appelé microbiote) diversifiés dont la composition peut favoriser ou inhiber le développement de certains agents phytopathogènes. Il est donc essentiel de mieux comprendre l'évolution de ce microbiote lors du développement de la plante.

L'impact de l'invasion du microbiote de graines de radis par des agents pathogènes a été analysé. Des contaminations artificielles par la bactérie *Xanthomonas campestris* pv *campestris* (*Xcc*) et par le champignon *Alternaria brassicicola* (*Ab*) ont été effectuées sur les parties aériennes de porte graine cultivées. Après récolte, l'installation des agents pathogènes au sein des semences a été mesurée par des analyses classiques de mi-

crobiologie et de biologie moléculaire. La diversité microbienne présente au sein des échantillons de semences a ensuite été caractérisée par une approche de séquençage de marqueurs taxonomiques bactériens et fongiques. Les résultats de cette étude indiquent que la transmission de *Xcc* n'affecte pas la composition du microbiote des semences. En revanche la transmission d'*Ab* diminue significativement la diversité des ensembles fongiques associés aux semences. Cette perturbation est probablement due à des compétitions pour les ressources nutritives entre *Ab* et d'autres membres de la communauté fongique, notamment des souches saprophytes apparentées à l'espèce *Alternaria alternata*. Ces souches pourraient être, à terme, utilisées en tant qu'agent de lutte biologique.

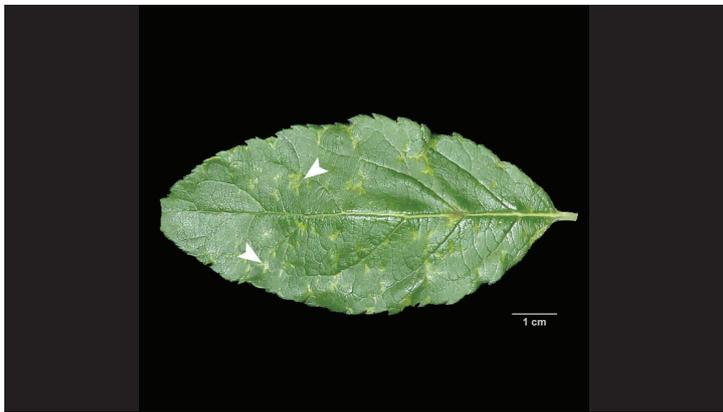
Partenaires : ce travail de recherche a été réalisé au sein de l'UMR IRHS par les équipes EmerSys et FungiSem sur des échantillons de graines récoltées sur des parcelles expérimentales de la Fédération Nationale des Agriculteurs Multiplicateur de Semences. Ces travaux de recherche ont été financés par le projet metaSEED (Pari scientifique de la Région des Pays de la Loire).

Publication associée : Rezki S., Campion C., Iacomu-Vasilescu B., Preveaux A., Toulbia Y., Bonneau S., Briand M., Laurent E., Hunault G., Simoneau P., Jacques M. A., Barret M. (2016). Differences in stability of seed-associated microbial assemblages in response to invasion by phytopathogenic microorganisms. *PeerJ*, 4 :e1923. DOI: <http://dx.doi.org/10.7717/peerj.1923>.

Contact : Matthieu Barret, UMR IRHS, matthieu.barret@inra.fr

Des pyramides contre la tavelure du pommier ?

Associer des résistances génétiques différentes pour prolonger leur efficacité



L'utilisation de variétés résistantes permet de réduire l'usage des fongicides. Cependant, les agents pathogènes peuvent évoluer et contourner les résistances des plantes. Il est donc nécessaire d'élaborer des stratégies pour améliorer leur durabilité.

Combiner («pyramider») des gènes de résistance agissant de manière complémentaire contre les agents pathogènes pourrait être une solution. Cette hypothèse a été testée dans le cas de la tavelure du pommier, maladie causée par le champignon *Venturia inaequalis*. Dans un premier temps, la durabilité d'une résistance basée sur 1 QTL (= Quantitative Trait Locus, i.e. zone du génome impliquée dans la variation quantitative du caractère étudié, ici la résistance) a été évaluée. L'expérimentation a été conduite sur une durée de 8 ans dans un verger où les arbres présentaient cette résistance. Des souches de *V. inaequalis* ont été échantillonnées dans ce verger et leur agressivité a été évaluée par des inoculations de pommiers possédant le QTL étudié en conditions contrôlées. Il a ainsi

été montré que la résistance étudiée sélectionne des souches agressives.

Pourtant la perte d'efficacité de cette résistance au verger reste lente. L'intérêt du pyramidage de ce QTL avec 2 autres QTLs de résistance dans une même variété a ensuite été testé. En utilisant des souches de *V. inaequalis* de différents niveaux d'agressivité, il a pu être montré que le pyramidage des 3 QTLs est plus efficace que les QTLs utilisés seuls. Ce résultat s'explique par le fait que ces QTLs agissent à différents stades du cycle infectieux du champignon: à un stade très précoce dès sa pénétration ou ultérieurement lors de sa croissance sub-cuticulaire et de sa sporulation. Le pyramidage des 3 QTLs combine ces effets. L'étape suivante, qui est en cours, consiste à déterminer si les voies métaboliques de la plante contrôlées par chaque QTL agissent de manière synergique lors de l'infection.

Partenaires : ces résultats ont été obtenus conjointement par les équipes de recherche EcoFun et ResPom de l'UMR IRHS et l'unité expérimentale Horticole à Angers, dans le cadre des travaux de thèse de G. Laloi (thèse cofinancée INRA-Région Pays de la Loire) et avec le soutien du métaprogramme INRA SMAcH (projet ARAMIS).

Publications associées : Caffier V., Le Cam B., Al Rifai M., Bellanger M.N., Comby M., Denancé C., Didelot F., Expert P., Kerdraon T., Lemarquand A., Ravon E., Durel C.E. (2016). Slow erosion of a quantitative apple resistance to *Venturia inaequalis* based on an isolate-specific Quantitative Trait Locus. *Infection, Genetics and Evolution*, 44, 541-548. DOI : <http://dx.doi.org/10.1016/j.meegid.2016.07.016>

Laloi G., Vergne E., Durel C.E., Le Cam B., Caffier, V. (2016). Efficiency of pyramiding of three quantitative resistance loci to apple scab. *Plant Pathology*. DOI: <http://dx.doi.org/10.1111/ppa.12581>.

Contact : Valérie Caffier, UMR IRHS, valerie.caffier@inra.fr

Un cheval de Troie dans les vergers

Un nouveau scénario d'émergence de virulence



Comprendre pourquoi les gènes de résistance des plantes aux maladies perdent si rapidement leur efficacité au champ est essentiel pour optimiser la gestion des ressources génétiques. Le gène de résistance du pommier à la tavelure *Rvi6*, dont le géniteur est le pommier ornemental *Malus floribunda*, est le plus utilisé dans les programmes de sélection et confère la résistance à de nombreuses variétés (ex : Ariane). Cependant il a été rapidement contourné dans les vergers dès les années 2000. L'équipe a d'abord cherché à identifier la source de la virulence chez le pathogène responsable *Venturia inaequalis*. En s'appuyant sur un échantillonnage réalisé (1) dans les vergers européens, (2) sur le géniteur du gène *Rvi6* *Malus floribunda* et (3) sur *M. sieversii*, l'ancêtre du pommier cultivé présent à l'état sauvage en Asie Centrale (Kazakhstan, Chine), il a pu être démontré que la virulence provient d'une population de *V. inaequalis* qui préexistait avant même l'introduction dans les vergers des variétés portant le gène *Rvi6*. Cette population identifiée sur *M. floribunda* aurait divergé des populations présentes en vergers depuis plus de 20 000 ans. C'est donc très probablement l'introduction dans les vergers de variétés portant *Rvi6* qui, tel un cheval de Troie, a permis à la population virulente de s'y introduire et de s'y installer.

Nous avons rarement l'occasion de suivre en direct une situation de remise en contact de populations ayant divergé depuis si longtemps. Face à cette situation exceptionnelle l'équipe s'est intéressée au devenir de cette cohabitation : y allait-il y avoir des événements d'hybridation ? A l'évidence, ces populations de pathogènes ont divergé depuis tellement longtemps qu'il existe très peu de cas d'hybridation à l'échelle européenne. En revanche, quand ces hybridations ont lieu, il a pu être démontré que certains hybrides-descendants présentent une agressivité supérieure aux souches parentales !

Un nouveau scénario d'émergence -Scénario du cheval de Troie- a ainsi été découvert et une alerte a été donnée sur les risques épidémiologiques encourus par l'introduction dans le compartiment cultivé d'une population sauvage divergente. La question de la gestion durable des résistances a donc été posée sous un angle nouveau, dans un contexte où les virulences peuvent préexister sur les hôtes-sources de résistances. Sur le plan fondamental, la situation de remise en contact secondaire suivie d'événements d'hybridation permet d'avoir accès à certains mécanismes évolutifs impliqués dans la spéciation.

Partenaires : équipe Respom de l'UMR IRHS ; Department of Plant Pathology, Institute of Horticulture, Pologne ; Department of Food Science, Aarhus University, Danemark.

Publications associées : Lemaire C., de Gracia M., Leroy T., Michalecka M., Lindhard-Pedersen H., Guérin F., Gladieux P., Le Cam B. (2015) Emergence of new virulent populations of apple scab from non-agricultural disease reservoirs. *New Phytol.* DOI : 10.1111/nph.13658.

Leroy T., Caffier V., Celton J.M., Anger N., Durel C.E., Lemaire C., Le Cam B. (2016). When virulence originates from nonagricultural hosts: evolutionary and epidemiological consequences of introgressions following secondary contacts in *Venturia inaequalis*. *New Phytol.* DOI: 10.1111/nph.13873.

Contact : Bruno Le Cam, UMR IRHS, bruno.lecam@inra.fr

Résistance du poirier à la tavelure et au psylle

Plusieurs facteurs de résistance génétique permettent d'envisager des variétés multi résistantes



Le champignon *Venturia pirina*, responsable de la maladie de la tavelure, et le psylle *Cacopsylla pyri*, insecte ravageur, sont deux des principaux bioagresseurs du poirier (*Pyrus communis*). Ceux-ci ayant développé des résistances suite à l'utilisation massive de certains produits phytopharmaceutiques, la lutte génétique (recherche de gènes de résistance) semble être un des meilleurs leviers pour les maîtriser. Dans le cadre de collaborations franco-japonaise et franco-italo-néo-zélandaise, des facteurs de résistance génétique du poirier vis-à-vis du psylle et de la tavelure ont été identifiés.

La cartographie génétique avec des marqueurs moléculaires (ADN) permet de baliser le génome du poirier ; c'est l'étape de génotypage. Les plantes sont en parallèle évaluées en serre pour leur résistance vis-à-vis du psylle et de la tavelure ; c'est l'étape de phéno-

typage. Des calculs de corrélation entre données de génotypage et de phénotypage ont permis de détecter six nouveaux facteurs de résistance vis-à-vis de l'un ou l'autre de ces bioagresseurs, répartis sur différents chromosomes du poirier. Certains de ces facteurs de résistance sont localisés dans des régions du génome du poirier correspondant à des régions synténiques (c.à.d. équivalentes) du génome du pommier (*Malus*) pour lesquelles d'autres facteurs de résistance ont été identifiés, comme des facteurs de résistance à la tavelure et aux pucerons.

Ces résultats permettent d'envisager le cumul de plusieurs facteurs de résistance dans le cadre de la sélection assistée par marqueurs et la création de nouvelles variétés de poirier multirésistantes.

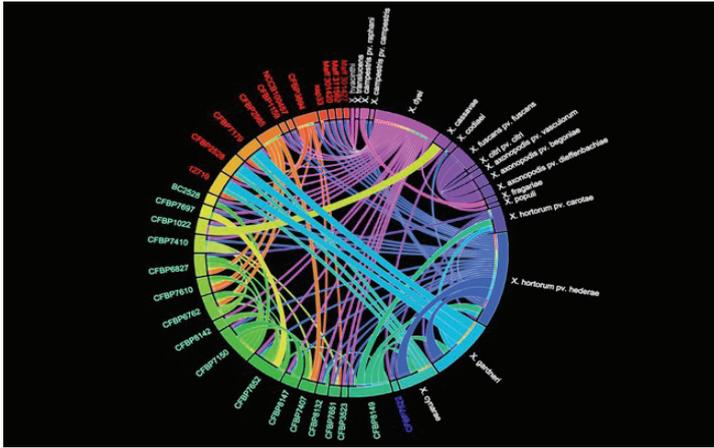
Partenaires : ces travaux ont été réalisés par l'UMR IRHS en collaboration avec les équipes de T. Yamamoto (NARO, Japon), de R. Velasco (FEM, Italie) et de D. Chagné (PFR, Nlle Zélande) et grâce au projet jeune chercheur SyntéPoirPom de l'Université d'Angers.

Publications associées : Percepied L., Leforestier D., Ravon E., Guerif P., Denance C., Tellier M., Terakami S., Yamamoto T., Chevalier M., Lespinasse Y., Durel C. E. (2015). Genetic mapping and pyramiding of two new pear scab resistance QTLs. *Molecular Breeding* 35(10). doi: <http://dx.doi.org/10.1007/s11032-015-0391-5> - Montanari S., Guérif P., Ravon E., Denancé C., Muranty H., Velasco R., Chagné D., Bus V.G.M., Robert P., Percepied L., Durel, C.E. (2015) Genetic mapping of *Cacopsylla pyri* resistance in an interspecific pear (*Pyrus* spp.) population. *Tree Genet Genomes* 11(74). doi 10.1007/s11295-015-0901-y.

Contact : Charles-Eric Durel, UMR IRHS, charles-eric.durel@inra.fr

Trafic d'armes chez les bactéries phytopathogènes

Acquisitions ancestrales et flux de gènes au sein du système d'infection



Afin d'appréhender les mécanismes sous-jacents à l'émergence de nouveaux agents pathogènes dans les agro-écosystèmes, il est nécessaire de comprendre comment évoluent et se transmettent les gènes codant les protéines responsables de leur virulence. Les molécules effectrices (ET3) vont permettre aux bactéries de contourner les défenses de leur hôte et d'en manipuler le métabolisme pour favoriser leur multiplication. Ils peuvent aussi être reconnus par la plante, ce qui induit alors une résistance. Le SST3 et ses effecteurs jouent un rôle majeur dans l'interaction hôte-pathogène.

Les bactéries du genre *Xanthomonas* sont responsables de maladies sur plus de 400 espèces végétales incluant de nombreuses plantes cultivées (blé, tomate, arbres fruitiers...). Les analyses génomiques ont montré qu'elles ont acquis le système de sécrétion de type III (SST3) de façon ancestrale ainsi qu'un jeu réduit d'effecteurs leur permettant de contourner les défenses basales des plantes. Les flux de gènes entre espèces bactériennes, au niveau du cluster de gènes du SST3, ont probablement permis de distribuer au sein du genre les combinaisons d'allèles favorables pour la colonisation des hôtes des *Xanthomonas*. Au cours de l'évolution, certaines souches ont perdu les gènes du SST3 et des ET3 entraînant la perte de leur caractère pathogène. D'autres, au contraire, ont complété leur arsenal en accumulant dans leur génome de nombreux gènes d'effecteurs. L'émergence de clones bactériens épidémiques attaquant spécifiquement certaines plantes (ex. *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni*, agent pathogène des *prunus*) serait le produit de cette histoire évolutive.

Partenaires : cette étude a été menée par l'UMR IRHS, en collaboration avec ORT Braude College (Karmiel, Israël).

Publication associée : Merda D., Briand M., Bosis E., Rousseau C., Portier P., Barret M., Jacques M.-A., Fischer-Le Saux M. (2017). Ancestral acquisitions, gene flow and multiple evolutionary trajectories of the type three secretion system and effectors in *Xanthomonas* plant pathogens. *Molecular Ecology* doi:10.1111/mec.14343.

Contact : Marion Fischer-Le Saux, UMR IRHS, marion.lesaux@inra.fr

Bactéries pathogènes et non-pathogènes, une différence parfois ténue

Les symptômes de la bactériose du noyer sont associés à certains déterminants génétiques



Xanthomonas arboricola pathovar *juglandis* est l'agent bactérien responsable de la bactériose du noyer, principale maladie du noyer. Les dégâts sur fruits peuvent parfois causer plus de 50 % de perte de récolte.

Lors d'une enquête épidémiologique dans les vergers français visant à étudier la résistance au cuivre de cet agent pathogène, des souches initialement confondues avec l'agent pathogène ont été isolées. Leur caractérisation génétique par des approches de phylogénie et d'épidémiologie moléculaire a révélé qu'elles appartenaient bien à l'espèce *X. arboricola* mais qu'elles se différenciaient génétiquement des souches pathogènes. Leur incapacité à provoquer des symptômes sur jeunes plants de noyer et sur d'autres espèces végétales a été montrée.

La recherche des principaux déterminants moléculaires du pouvoir pathogène des *Xanthomonas* a montré que certaines lignées non pathogènes étaient dépourvues des gènes codant le système de sécrétion de type III. Cette structure, aussi appelée « injectisome » et qui s'apparente à une seringue, permet aux souches pathogènes d'injecter directement, dans les cellules végétales, des molécules (effecteurs de type III, ET3) capables d'anéantir les réactions de défense des plantes et de détourner leur métabolisme à leur profit. Toutefois, d'autres lignées de bactéries non pathogènes possèdent les gènes de l'injectisome mais peu de gènes codant pour des ET3 comparativement aux souches pathogènes. Des analyses de génomique comparative permettront de révéler de nouveaux déterminants génétiques pouvant être à l'origine de l'émergence des souches responsables d'épidémies majeures dans les vergers.

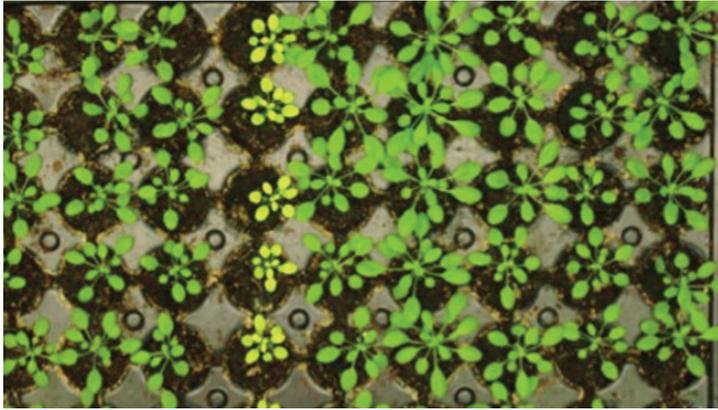
Partenaires : ces travaux ont été réalisés au sein de l'équipe EmerSys de l'UMR IRHS et financés par la Direction Générale de l'Armement.

Publication associée : Essakhi S., Cesbron S., Fischer-Le Saux M., Bonneau S., Jacques M.A., Manceau C. (2015). Phylogenetic and VNTR analysis Identified Non-pathogenic Lineages within *Xanthomonas arboricola* Lacking the canonical Type Three Secretion System. *Appl. Environ. Microbiol.* doi:10.1128/AEM.00835-15.

Contact : Marion Fischer-Le Saux, UMR IRHS, marion.le-saux@inra.fr

Un nouvel outil pour l'amélioration des plantes

Mobilisation contrôlée des éléments transposables



Les éléments transposables sont responsables pour toute une panoplie de traits importants chez les plantes cultivées. Ils ont la possibilité de créer des nouvelles copies de soi-même qui peuvent ensuite se réintégrer dans le génome. Pour protéger leur génome, les plantes limitent la mobilité des éléments transposables à travers divers mécanismes épigénétiques.

Pour aussi limiter la mobilité des éléments transposables au niveau des ARNs, plusieurs ARN polymérase dédiés à la défense contre les éléments transposables ont évolué dans les plantes.

Le réchauffement climatique menace les plantes cultivées : les stress environnementaux (sécheresse, pluies importantes, gelées tardives) s'amplifient, entraînant des pertes agronomiques importantes. Dans le processus évolutif naturel des plantes, les éléments transposables jouent un rôle central dans l'adaptation des plantes aux stress : ils ont

la capacité de modifier la réponse des plantes aux stress et peuvent donc contribuer à adapter les plantes à leur environnement, en particulier climatique. Jusqu'alors, il était impossible de contrôler les éléments transposables pour les utiliser de manière ciblée en amélioration végétale ; ce verrou a maintenant pu être débloqué.

En effet, un nouveau mécanisme épigénétique, qui réprime l'activité des éléments transposables chez les plantes, a été découvert. Ce mécanisme inclut une enzyme importante pour la production des ARNs messagers des plantes. Par un simple traitement des plantes avec une molécule qui supprime l'activité de cette enzyme, les éléments transposables ont pu être utilisés pour créer de la variabilité phénotypique chez *Arabidopsis thaliana*. Nous avons démontré que cette molécule permet d'utiliser les éléments transposables non seulement chez une plante modèle mais aussi chez le riz, une plante essentielle pour l'alimentation humaine. Cette méthode peut donc en théorie fonctionner chez toutes les plantes. La méthode a été brevetée. La prochaine étape sera de tester si ce potentiel peut être utilisé pour améliorer d'autres plantes cultivées. Un projet européen ERC (European Research Council) Consolidator (BUNGEE) de cinq ans vient de démarrer pour tester cette approche.

Partenaires : cette étude a été menée par l'UMR IRHS, en partenariat avec l'Université de Bâle (Suisse), l'Institut de Recherche pour le Développement, l'UMR DIADE, l'Université Montpellier et l'Université de Perpignan, le Laboratory of Plant Genome and Development (France).

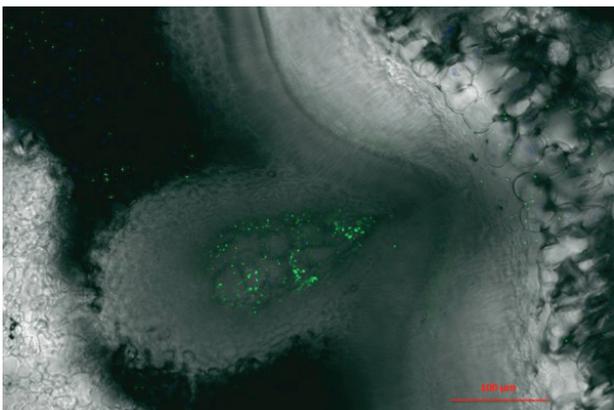
Publication associée : Thieme M., Lanciano S., Balzergue S., Daccord N., Mirouze M., and Bucher E. (2017). Inhibition of RNA polymerase II allows controlled mobilisation of retrotransposons for plant breeding. *Genome Biol* 18, 134.

Brevet : WO2017093317A1

Contact : Etienne Bucher, UMR IRHS, etienne.bucher@inra.fr

Transmission des bactéries par les semences

Co-localisation des bactéries pathogènes et commensales dans les graines de haricot



L'identification des voies de transmission à la semence des organismes phytopathogènes et de leurs compétiteurs est essentielle pour proposer des méthodes de lutte biologique permettant de réduire l'incidence de la transmission des agents pathogènes.

Des souches commensales (i.e. non pathogènes) isolées de semences de haricot se sont avérées de bonnes compétitrices de la bactérie phytopathogène responsable de la graisse commune du haricot, *Xanthomonas citri* pv. *fuscans* (*Xcf*), lors des tests in vitro.

En revanche, ces souches commensales se sont avérées incapables de se transmettre aux semences de haricot qu'elles soient seules ou confrontées à *Xcf*.

L'analyse par microscopie confocale de graines de haricot et de plantules a permis de confirmer la diversité des voies de transmission et des niches de *Xcf* dans ces organes. L'utilisation d'une technique de fluorescence in situ (DOPE-FISH) a également permis de montrer que des bactéries commensales du genre *Xanthomonas* peuvent être observées dans ces mêmes niches.

Des approches alternatives basées sur l'analyse du microbiote et de la co-occurrence de souches commensales et pathogènes est désormais privilégiée pour identifier les potentiels micro-organismes de lutte biologique dans les graines et plantules.

Partenaires : ce travail a été conduit dans l'équipe EmerSys de l'UMR IRHS en collaboration avec le plateau technique IMAC de la SFR Quasav et l'Austrian Institute of Technology (Autriche). Il a été financé par le projet européen FP7-KBBE TESTA.

Publication associée : Darrasse A., Barret M., Cesbron S., Compant S. and Jacques, M.-A. (2017). Niches and routes of transmission of *Xanthomonas citri* pv. *fuscans* to bean seeds. *Plant and Soil* <http://doi.org/10.1007/s11104-017-3329-3>

Contact : Marie-Agnès Jacques, UMR IRHS, marie-agnes.jacques@inra.fr

Transmission d'agents phytopathogènes à la semence

Le microbiote de celle-ci peut-être infecté, ou non



Les semences sont vectrices d'ensembles microbiens (aussi appelé microbiote) diversifiés dont la composition peut favoriser ou inhiber le développement de certains agents phytopathogènes. Il est donc essentiel de mieux comprendre l'évolution de ce microbiote lors du développement de la plante.

L'impact de l'invasion du microbiote de graines de radis par des agents pathogènes a été analysé. Des contaminations artificielles par la bactérie *Xanthomonas campestris* pv *campestris* (*Xcc*) et par le champignon *Alternaria brassicicola* (*Ab*) ont été effectuées sur les parties aériennes de porte graine cultivées. Après récolte, l'installation des agents pathogènes au sein des semences a été mesurée par des analyses classiques de mi-

crobiologie et de biologie moléculaire. La diversité microbienne présente au sein des échantillons de semences a ensuite été caractérisée par une approche de séquençage de marqueurs taxonomiques bactériens et fongiques. Les résultats de cette étude indiquent que la transmission de *Xcc* n'affecte pas la composition du microbiote des semences. En revanche la transmission d'*Ab* diminue significativement la diversité des ensembles fongiques associés aux semences. Cette perturbation est probablement due à des compétitions pour les ressources nutritives entre *Ab* et d'autres membres de la communauté fongique, notamment des souches saprophytes apparentées à l'espèce *Alternaria alternata*. Ces souches pourraient être, à terme, utilisées en tant qu'agent de lutte biologique.

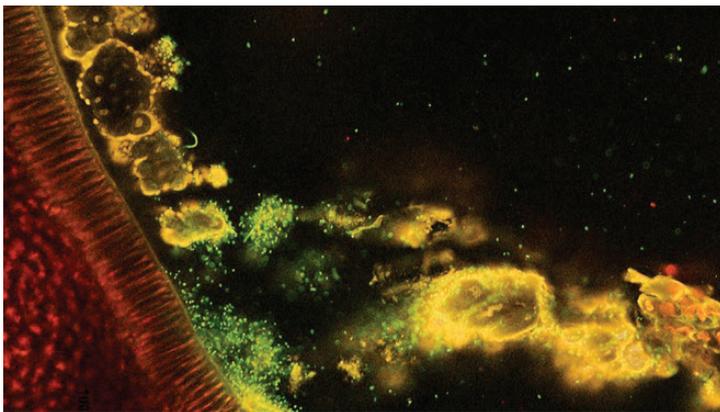
Partenaires : ce travail de recherche a été réalisé au sein de l'UMR IRHS par les équipes EmerSys et FungiSem sur des échantillons de graines récoltées sur des parcelles expérimentales de la Fédération Nationale des Agriculteurs Multiplicateur de Semences. Ces travaux de recherche ont été financés par le projet metaSEED (Pari scientifique de la Région des Pays de la Loire).

Publication associée : Rezki S., Campion C., Iacomi-Vasilescu B., Preveaux A., Toualbia Y., Bonneau S., Briand M., Laurent E., Hunault G., Simoneau P., Jacques M. A., Barret M. (2016). Differences in stability of seed-associated microbial assemblages in response to invasion by phytopathogenic microorganisms. PeerJ, 4 : e1923. DOI: <http://dx.doi.org/10.7717/peerj.1923>.

Contact : Matthieu Barret, UMR IRHS, matthieu.barret@inra.fr

Microbiote des semences

Quelle influence relative pour le génotype et le terroir ?



Les semences sont vectrices de communautés microbiennes diversifiées (aussi appelées microbiotes) dont la composition peut favoriser la croissance des plantules ou permettre de résister aux bio-agresseurs. Pour être capable de sélectionner des microbiotes bénéfiques pour la croissance et la santé des plantes, il faut tout d'abord caractériser les facteurs impliqués dans leur composition.

Au cours de cette étude, les influences relatives du génotype de la plante et du site de culture sur la composition du microbiote des semences ont été analysées. Pour réaliser

ce travail, 5 cultivars de haricot ont été semés sur deux sites de culture et les graines ont été récoltées après un cycle de culture. La diversité microbienne associée aux échantillons de graines récoltées a ensuite été caractérisée par une approche de séquençage de marqueurs taxonomiques bactériens et fongiques. Les résultats de cette étude indiquent que le génotype de la plante n'influence pas la composition du microbiote des semences. En revanche le site de culture influence de manière significative la composition des communautés fongiques associées aux semences. Pour les communautés bactériennes, il semble que le terroir n'aurait qu'un effet mineur de structuration, ce qui implique que d'autres facteurs sont potentiellement impliqués dans la composition de ces ensembles.

Partenaires : ce travail de recherche est le fruit d'une collaboration entre l'UMR SAD-Paysage (Rennes) et l'UMR IRHS (Angers). Ces travaux de recherche ont été en partie financés par le projet metaSEED (Pari scientifique de la Région des Pays de la Loire) et le projet européen Solibam.

Publication associée : Klaedtke S., Jacques M.A., Raggi L., Préveaux A., Bonneau S., Negri V., Chable V., Barret M. (2016). Terroir is a key driver of seed-associated microbial assemblages. Environmental Microbiology. DOI: 10.1111/1462-2920.12977.

Contact : Matthieu Barret, UMR IRHS, matthieu.barret@inra.fr

La graine : une source d'inoculum pour la plante

La microflore retrouvée dans les feuilles et les racines provient d'une sélection de celle apportée par les semences



Les semences sont vectrices d'une microflore abondante et diversifiée dont le rôle est généralement méconnu. Pour améliorer la qualité sanitaire des semences, de nouveaux traitements doivent être proposés dans le contexte actuel de réduction de l'utilisation des produits phytosanitaires.

L'une de ces méthodes alternatives consiste à enrober les semences avec des microorganismes possédant des propriétés bénéfiques pour la croissance et la santé des plantes. Cette lutte biologique se heurte cependant à des variations d'efficacité pouvant être en partie expliquées par l'activité des communautés microbiennes indigènes des semences. Il est donc essentiel de développer des analyses permettant de connaître l'ensemble des membres constituant les communautés microbiennes associées aux semences.

La composition des communautés microbiennes associées aux semences et son évolution au cours de la germination et de la levée de la plantule a été étudiée par une approche de séquençage de différents marqueurs bactériens et fongiques. Plusieurs espèces végétales ont été ciblées telles que le radis, la carotte ou encore le haricot. Les équipes de l'UMR IRHS ont mis en évidence une grande variation du nombre d'espèces bactériennes et fongiques entre les différents lots de semences analysés. En effet, une dizaine d'espèces bactériennes et fongiques sont associées aux semences de radis alors qu'environ 400 espèces microbiennes sont associées aux graines de haricots. Par ailleurs, le nombre d'espèces microbiennes diminue significativement au sein des plantules (après germination et levée) et se traduit par une sélection de taxons bactériens et fongiques fréquemment retrouvés au sein d'autres compartiments végétaux comme les racines et les feuilles. Ces résultats démontrent que la graine constitue une source d'inoculum importante pour la plante.

Partenaires : ce travail a été réalisé au sein de l'UMR IRHS par les équipes EmerSys et FungiSem sur des échantillons de graines fournies par les entreprises semencières Vilmorin et HM-Clouse. Ces travaux de recherche ont été financés par le projet metaSEED (Pari scientifique financé par la Région des Pays de la Loire).

Publication associée : Barret M., Briand M., Bonneau S., Preveaux A., Valiere S., Bouchez O., Hunault G., Simoneau P., Jacques M. A. (2015). Emergence Shapes the Structure of the Seed Microbiota. *Applied and Environmental Microbiology*, 81(4), 1257-1266. DOI: <http://dx.doi.org/10.1128/aem.03722-14>.

Contact : Matthieu Barret, UMR IRHS, matthieu.barret@inra.fr

Microbiote des semences

Identification d'un dialogue moléculaire entre les graines de *Medicago truncatula* en développement et *Xanthomonas*



Les qualités physiologiques (performance germinative) et sanitaires des graines (transmission d'agents pathogènes) conditionnent la mise en place du peuplement végétal et l'émergence de maladies. Leur maîtrise constitue donc un enjeu scientifique et technologique majeur.

Jusqu'à présent, les graines ont été considérées comme des vecteurs passifs des bactéries phytopathogènes. Cependant les travaux ont permis de découvrir un dialogue moléculaire entre la graine en développement de *Medicago truncatula* et les *Xanthomonas*, des bactéries phytopathogènes transmises par les semences. Ces dernières occasionnant des maladies préjudiciables pour les cultures.

Des analyses massives de l'expression des gènes montrent que la graine perçoit la bactérie et répond à sa présence en exprimant un ensemble de gènes impliqués dans la mise en place des défenses alors que les ARN codant les protéines de réserve diminuent. Cet investissement dans l'expression des défenses est toutefois limité dans le temps, puisqu'en fin de maturation aucune expression n'est observable, alors que des gènes impliqués dans la protection contre la dessiccation et la qualité germinative sont plus fortement exprimés. Ce dialogue moléculaire a été mis en évidence lorsque la graine de *Medicago* est contaminée par *Xanthomonas campestris* pv. *campestris*, c'est-à-dire en situation incompatible (en d'autres mots ne conduisant pas à la maladie). Aucun élément de ce dialogue n'est observable en présence de *Xanthomonas alfalfae* subsp. *alfalfae* (conduisant à la maladie). La réponse transcriptionnelle de la graine contaminée, la réduction du poids de la graine et une teneur accrue en chlorophylle en fin de maturation suggèrent un compromis entre l'activation des défenses basales et le développement.

Ce travail constitue un nouveau modèle original permettant d'explorer les interactions fonctionnelles entre développement et tolérance aux stress biotiques et abiotiques.

Partenaires : ces travaux ont été conduits en collaboration avec les équipes ConserTo et EmerSys de l'UMR IRHS dans le cadre du projet QUALISEM,

Publication associée : Terrasson E., Darrasse A., Righetti K., Buitink J., Lalanne D., Ly Vu B., Pelletier S., Bolingue W., Jacques M.A., Leprince O. (2015). Identification of a molecular dialogue between developing seeds of *Medicago truncatula* and seedborne xanthomonads. *Journal of Experimental Botany* 66 (13): 3737-3752 doi: 10.1093/jxb/erv167.

Contact : Olivier Leprince, UMR IRHS, olivier.leprince@agrocampus-ouest.fr

Insecticide et activité cérébrale d'un ravageur

A faible dose, un insecticide néonicotinoïde peut stimuler l'activité cérébrale olfactive et favoriser sa reproduction



La lutte contre les ravageurs des cultures repose principalement sur l'utilisation d'insecticides neurotoxiques comme les néonicotinoïdes qui perturbent le fonctionnement du système nerveux. Cependant, l'utilisation intense de ces molécules induit l'accumulation de résidus dans l'environnement. De récentes études démontrent les effets néfastes de ces molécules à faible dose sur le comportement des insectes «utiles» comme les abeilles, mais aussi, des effets positifs inattendus sur la reproduction de certains ravageurs.

Les papillons de nuit, qui comptent de nombreuses espèces de ravageurs aux stades larvaires, utilisent l'olfaction pour leur reproduction : le mâle est attiré par la phéromone

sexuelle émise par la femelle. Un insecticide néonicotinoïde, la clothianidine (ou Poncho®), peut, à certaines faibles doses, perturber, voire améliorer la réponse comportementale des mâles à la phéromone d'une noctuelle ravageuse des cultures. Pour comprendre l'origine de ces modifications comportementales, les effets de cet insecticide sur l'insecte ont été testés par des enregistrements électrophysiologiques de l'activité neuronale olfactive périphérique (sur l'antenne) et centrale (dans le centre olfactif cérébral appelé lobe antennaire). Les résultats montrent que les doses de clothianidine qui augmentent ou diminuent la réponse comportementale des mâles à la phéromone modifient de la même façon la sensibilité des neurones centraux dans le lobe antennaire, alors que ces mêmes doses n'ont pas d'effet sur le système nerveux périphérique. Ces résultats suggèrent que le cerveau d'un insecte ravageur est capable de s'adapter à un stress insecticide en modulant son activité neuronale olfactive.

Partenaires : ce travail, réalisé par l'unité SIFCIR, s'inscrit dans le cadre du programme ANR-BioAdapt PHEROTOX.

Publication associée : Rabhi K.K., Deisig N., Demondion E., Le Corre J., Robert G., Trioire-Leignel H., Lucas P., Gadenne C., Anton S. (2016). Low doses of a neonicotinoid insecticide modify pheromone response thresholds of central but not peripheral olfactory neurons in a pest insect. *Proc. R. Soc. B.* 283: 20152987.

Contact : Sylvia Anton, USC SIFCIR, sylvia.anton@inra.fr

L'expérience modifie le volume cérébral d'un papillon de nuit

La sensibilisation à une phéromone sexuelle ou à un son de prédateur augmente ce volume



Les insectes ont développé des stratégies efficaces pour s'adapter à des changements continus de leur environnement et l'expérience joue un rôle important dans les mécanismes d'adaptation. Chez un insecte lépidoptère ravageur, nous avons déjà montré qu'une brève pré-exposition à un stimulus odorant (phéromone sexuelle), mais aussi gustatif (sucre) ou acoustique (son de chauve-souris, prédateur) peut améliorer, a posteriori, les réponses comportementales et neuronales à la phéromone sexuelle. Ceci révèle un mécanisme de sensibilisation qui permet à l'insecte d'optimiser la perception de signaux biologiquement importants.

Il est maintenant clairement admis que le cerveau des insectes, comme celui des vertébrés, est plastique: il peut subir des modifications physiologiques mais aussi anatomiques en réponse à l'expérience ou l'apprentissage. Nous avons donc testé l'hypothèse que les structures cérébrales impliquées dans la perception des signaux sensoriels pouvaient être modifiées après une pré-exposition à des stimuli olfactifs, gustatifs ou acoustiques. Nos résultats montrent que les volumes de certains glomérules olfactifs qui constituent les lobes antennaires, premier relais cérébral olfactif, ainsi que celui des calices des corps pédonculés, centre supérieur de l'olfaction et de la mémoire, sont augmentés après une brève exposition à la phéromone sexuelle ou aux ultrasons de chauve-souris. Par contre, nous n'avons pas observé de changements morphologiques des structures cérébrales après pré-exposition à un stimulus sucré, bien que la sensibilité du papillon mâle à la phéromone augmente.

Ces résultats suggèrent que l'insecte est capable d'optimiser la perception de stimuli sensoriels importants pour sa survie et sa reproduction en modulant les structures morphologiques cérébrales impliquées.

Publication associée : Anton S., Chabaud M.A., Schmidt-Büsser D., Gadenne B., Iqbal J., Juchaux M., List O., Gaertner C., Devaud, J.M. (2016). Brief sensory experience differentially affects the volume of olfactory brain centres in a moth. *Cell Tissue Res.*, 364, 59-65.

Contact : Sylvia Anton, USC SIFCIR, sylvia.anton@inra.fr

Une sélection de nos projets de recherche en lien avec la réduction des produits phytosanitaires

OPTIMA [H2020] - Gestion intégrée des bioagresseurs

TAVINNOV [Métaprogramme SMaCH] - Méthodes de lutte alternatives vis à vis de la tavelure du pommier

XF-ACTORS [H2020] - Détection précoce de *Xylella fastidiosa*

PONTE [H2020] - Epidémiologie et gestion intégrée des ravageurs pour différentes bactéries

ESTIM [ANR LabCom] - Évaluation de STIMulateurs de vitalité des plantes

EMPHASIS [H2020] - Protection des productions agricoles de leurs principales menaces phytosanitaires

BUNGEE [ERC Consolidator Grant] - Accélérer l'évolution naturelle d'une plante pour une agriculture durable

EPIDIVERSE [ITN] - Diversité épigénétique en écologie

EUCLEG [H2020] - Réduire la dépendance de l'Europe et de la Chine aux protéines végétales importées

SEEDS [ANR] - SuccEssion des Ensembles microbiens lors du Développement des Semences

FRIENDLY FRUIT [Climate-Kic] - Cultures de pommier et fraisier : pratiques respectueuses de l'environnement

ROZENFORM [Région Pays de la Loire] - Résistance aux maladies foliaires du rosier

DiverIMPACTS [H2020] - Diversification des cultures pour la durabilité des systèmes agricoles

DIVERSify [H2020] - Associations de cultures pour des écosystèmes résilients et une agriculture durable

OPTIMA : méthode de gestion intégrée des bioagresseurs [H2020] **Vers une gestion intégrée des bioagresseurs en vergers de pommiers, sur vigne et légumes de plein champ.**



Le projet européen OPTIMA (OPTimised Integrated Pest Management for precise detection and control of plant diseases in perennial crops and open-field vegetables) devra permettre de développer une méthode de gestion intégrée des bioagresseurs en vergers de pommiers (tavelure), sur vigne (mildiou) et sur légumes de plein champ (carotte/ alternariose) en mettant en œuvre :

- l'utilisation de bio pesticides
- des modèles de prédiction et de détection précoces des maladies
- des techniques de pulvérisation de précision

L'équipe QuaRVEg de l'UMR IRHS participe à ce projet dont l'objectif est d'évaluer différents produits de biocontrôle vis-à-vis de différents génotypes de carotte, de proposer de nouveaux outils de diagnostic moléculaire permettant d'évaluer les effets de ces produits sur la plante et de caractériser la réponse de la plante en évaluant notamment la

réceptivité de différents génotypes de carotte à ces produits par analyse transcriptome (développement d'une puce QPFD, Puce à Faible Densité quantitative, outil permettant d'étudier l'induction des défenses des plantes) et métabolique.

Partenaires : piloté par l'université d'Athènes, ce projet fédère 15 partenaires, dont l'UMR IRHS, de 7 pays différents et démarrera en septembre 2018 :

- Agricultural University of Athens (AUA), Greece
- Universitat Politècnica de Catalunya (UPC), Spain
- Instituut voor landbouw- en visserijonderzoek (ILVO), Belgium
- Università degli Studi di Torino (UNITO), Italy
- Institut national de recherche en sciences et technologies pour l'environnement et l'agriculture (IRSTEA), France
- Wageningen University & Research (WR), Netherlands
- Universidade de Coimbra (UC), Portugal
- Institute de Recherche en Horticulture et Semences (INRA - Agrocampus Ouest - Université d'Angers), France
- Pulverizadores FEDES.L. (FEDE), Spain
- CAFFINI (CAF), Italy
- Agricultural & Environmental Solutions (AGE), Greece
- APRO (APRO), Spain
- Terre da Vino (TdV), Italy
- INVENIO (INV), France
- European Crop Protection Association (ECPA), Belgium
- Centre of Research and Technology Hellas (CERTH), Greece

Contact : Valérie Le Clerc, UMR IRHS, valerie.leclerc@agrocampus-ouest.fr

TAVINNOV : durabilité des méthodes de lutte alternatives vis à vis de la tavelure du pommier [Métaprogramme SMaCH] **Evaluation de la durabilité des stratégies alternatives à la lutte chimique.**



Que ce soit en agriculture conventionnelle ou biologique, la lutte contre la tavelure du pommier due à *Venturia inaequalis* nécessite jusqu'à 25 traitements fongicides/an. Différentes méthodes alternatives sont déjà étudiées individuellement (SDP (Stimulateur de Défense des Plantes) ou variétés partiellement résistantes) ou à explorer (nutrition azotée, stress mécaniques) mais il est à craindre que chaque méthode prise individuellement ne permette d'atteindre le niveau d'efficacité obtenu avec les fongicides.

Le premier objectif de ce projet pluridisciplinaire est de valider l'efficacité de ces stratégies alternatives vis-à-vis de la tavelure pour celles non encore explorées (nutrition azotée, stress mécanique) et de tester l'intérêt de leur association avec les SDP et les variétés à résistance partielle.

Par ailleurs, l'utilisation répétée de SDP en vergers risque d'exercer des pressions de sélection sur les populations du champignon à travers les métabolites de défense produits par la plante et conduire ainsi à des pertes d'efficacité au cours du temps comme si souvent décrit avec les pesticides. L'efficacité des SDP en verger permet d'ores et déjà de proposer, comme 2^{ème} objectif du projet, d'évaluer les capacités adaptatives de *Venturia inaequalis* aux métabolites de défense des plantes induits, qui seront analysés dans le cadre ce projet.

Ces travaux contribueront à une meilleure connaissance des effets des combinaisons proposées dans le but de baisser l'usage des fongicides par une combinaison optimale des méthodes de lutte ainsi qu'à une première évaluation sur la durabilité de l'utilisation des SDP vis-à-vis de la tavelure.

La démarche pluridisciplinaire reposera sur des études en conditions contrôlées, complétées par des expérimentations de terrain, en connexion avec les acteurs de la profession (IFPC, CTIFL, GRAB).

Partenaires : 3 départements scientifiques INRA (SPE, BAP, EA) sont impliqués dans le projet coordonné par Bruno Le Cam à Angers et co-animé par Catherine Coutand à Avignon, ainsi que 4 unités de recherches (UMR IRHS, UMR PSH, UMR LAE, UR PV) et l'unité expérimentale HORTI à Angers.

Contact : Bruno Le Cam, UMR IRHS, bruno.le-cam@inra.fr

XF-ACTORS [H2020]

Amélioration des outils de détection précoce de *Xylella fastidiosa*, prévention des contaminations et leur contrôle.



Xylella fastidiosa est une bactérie phytopathogène responsable de bactérioses émergentes en Europe. Originaires des Amériques, les bactéries appartenant à cette espèce sont désormais également installées en Asie (Taiwan, Iran) et en Europe (Italie et France), où elles causent localement des maladies à fort impact socio-économique. Ces bactéries sont naturellement transmises entre plantes par des insectes piqueurs-suceurs de sève et colonisent exclusivement les vaisseaux conducteurs de la sève brute de leur plante hôte. C'est cependant le commerce des plantes et plants qui est principalement à l'origine de la

dissémination à l'échelle mondiale de ces agents phytopathogènes. Améliorer les outils de détection précoce, la prévention des contaminations et le cas échéant leur contrôle sont les objectifs de ce projet financé sur un appel d'offre dédié à ce problème émergent dans le programme SFS-09-2016 d'Horizon 2020.

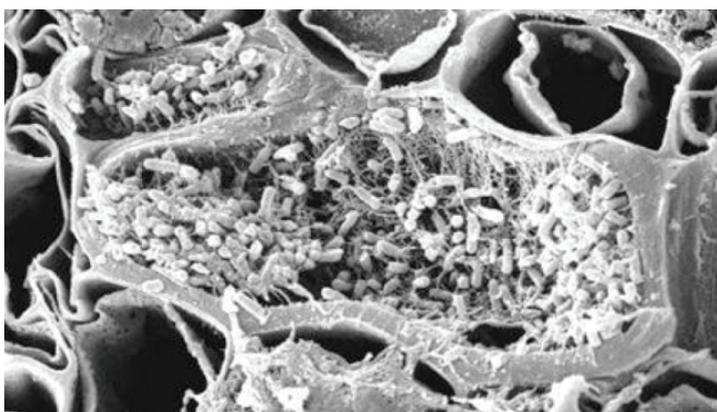
L'équipe Emersys de l'UMR IRHS est responsable du Workpackage 2 dédié à l'amélioration de nos connaissances sur la biologie, la pathogénie et la génomique des souches de *X. fastidiosa* pertinentes pour l'Europe. L'équipe focalisera spécifiquement ses travaux sur les souches présentes en France et celles menaçant les productions agricoles françaises. Outre les analyses génomiques couplées aux tests de pathogénie visant à identifier les déterminants de l'agressivité et de la gamme d'hôte, des schémas de typage utilisables par les laboratoires de référence seront développés.

Partenaires : le projet XF-ACTORS (Xylella Fastidiosa Active Containment Through a multidisciplinary-Oriented Research Strategy) est coordonné par Maria Saponari, Consiglio Nazionale delle Ricerche, Bari, Italy et compte 29 participants.

Contact : Marie-Agnès Jacques, UMR IRHS, marie-agnes.jacques@inra.fr

PONTE [H2020]

Epidémiologie et gestion intégrée des ravageurs pour différentes bactéries



Xylella fastidiosa, une bactérie jusqu'alors limitée aux Amériques, vient d'émerger en Asie et en Europe. Cette bactérie est ainsi à l'origine d'un véritable désastre socio-économique en Europe dont les oliveraies des Pouilles sont au cœur. Cette bactérie, tout comme '*Candidatus Liberibacter solanacearum*', *Phytophthora* spp. et *Hymenoscyphus pseudoalbidus* sont des agents pathogènes invasifs et transmis par des insectes vecteurs.

Le projet PONTE (Pest Organisms Threatening Europe), financé dans le programme H2020 'SFS-03a-2014 : Native and alien pests in agriculture and forestry', vise à proposer des stratégies de contrôle intégré et durable de ces quatre agents pathogènes qui menacent un panel de cultures et d'environnements naturels en Europe.

Concernant *Xylella fastidiosa*, les partenaires de ce projet cherchent à :

- préciser le rôle de cette bactérie et d'autres agents (champignons et insectes) dans l'étiologie du syndrome du déclin rapide de l'olivier,
- améliorer les connaissances sur les souches présentes en Italie et en France et leurs insectes vecteurs en termes de diversité, et pour la bactérie de mécanismes évolutifs et en particulier d'aptitude à la recombinaison,
- développer de nouveaux outils et procédures pour l'épidémiologie
- tester différentes solutions de contrôle visant les insectes, l'environnement des parcelles et la survie bactérienne.

L'UMR IRHS intervient pour l'étude de la diversité de *Xylella fastidiosa* et l'établissement d'outils de surveillance des cultures et de prévention de la maladie.

Partenaires : le projet est coordonné par Donato Boscia du CNR (Consiglio Nazionale delle Ricerche) à Bari, Italie et comprend 25 participants d'Europe, du Costa Rica et d'Israël.

Contact : Marie-Agnès Jacques, UMR IRHS, marie-agnes.jacques@inra.fr

ESTIM : Évaluation de STIMulateurs de vitalité des plantes [ANR LabCom]

Vers une meilleure utilisation des biostimulants et des Stimulateurs de Défense des Plantes pour une agriculture durable.



Bien que les fournisseurs d'intrants misent sur les stimulateurs de vitalité (biostimulants et stimulateurs de défense des plantes ou SDP) pour assurer la qualité des productions végétales tout en réduisant l'usage d'engrais et de phytosanitaires (plan écophyto), la reproductibilité de leur efficacité au champ s'avère décevante. La profession se heurte à un déficit d'outils permettant d'ESTIMer de façon cognitive i) l'état de réceptivité optimal et ii) la réponse exacte de la plante à ces actifs. Il est pourtant critique d'investir sur ces leviers pour continuer à identifier de nouveaux produits, soutenir leur certification, optimiser leur formulation et leur application, et proposer des outils d'aide à la décision (OAD) pour l'agriculteur.

Partenaires :

Le LabCom ESTIM réunira l'expertise

- des scientifiques des équipes ARCH-E, EMERSYS, FUNGISEM et RESPOM de l'UMR IRHS (INRA-Agrocampus Ouest – Université d'Angers) et du LARIS (Université d'Angers), sur le phénotypage des réponses des plantes à leurs environnements biotiques et abiotiques
- du partenaire AREXHOR Pays de Loire (APL), sur le développement de nouvelles pratiques culturales aux champs (agrément BPE - Bonnes Pratiques Expérimentales)

Contact : Philippe Grappin, UMR IRHS, philippe.grappin@agrocampus-ouest.fr

Effective Management of Pests and Harmful Alien Species – Integrated Solutions [H2020]

Comment protéger les productions agricoles européennes de leurs principales menaces phytosanitaires ?



L'évaluation et la sélection de méthodes adaptées à la protection intégrée des cultures est l'enjeu ambitieux du projet EMPHASIS.

Ce projet se propose d'étudier des menaces phytosanitaires émergentes ou résilientes causées par différents agents (micro-organismes phytopathogènes, insectes phytophages et plantes adventices) sur un large panel de systèmes agricoles et forestiers. L'intégration des

connaissances obtenues sur ces différents pathosystèmes par les 22 partenaires associés à ce projet devrait permettre de prédire, prévenir et protéger les productions agricoles de ces menaces.

Partenaires :

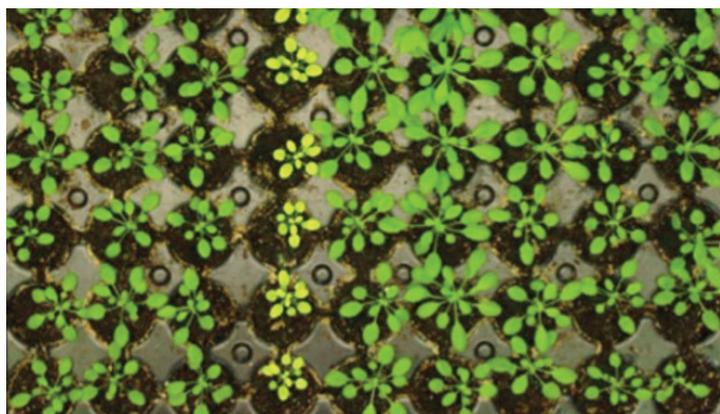
Ce projet de recherche, coordonné par Maria Lodovica Gullino (Université de Turin), a été financé dans le Topic «SFS-03a-2014 Native and alien pests in agriculture and forestry» d'Horizon 2020 pour une durée de 48 mois.

L'INRA (unités IRHS du Centre Pays de la Loire et BIOGER du Centre de Versailles) intervient principalement dans un workpackage dédié à la sélection d'agents de lutte biologique et au développement de procédures pour leur utilisation en agriculture et foresterie. L'équipe Emersys de l'unité IRHS a en charge l'analyse de la diversité microbienne présente au sein des résidus de blé et de colza par des techniques classiques de microbiologie mais également par des approches de métagénomique. L'une des sorties attendues de ce workpackage est l'identification puis l'isolement de microorganismes antagonistes de deux champignons phytopathogènes majeurs des cultures de blé et de colza à savoir *Mycosphaerella graminicola* et *Leptosphaeria maculans*.

Contact : Matthieu Barret, UMR IRHS, matthieu.barret@inra.fr

BUNGEE - ERC Consolidator Grant

Accélérer l'évolution naturelle d'une plante pour une agriculture durable.



Dans le cadre du programme Epicenter, lancé en septembre 2014, Etienne Bucher et son équipe observent les phénomènes à l'œuvre chez une plante modèle, *Arabidopsis*, ainsi que chez les pommiers et les rosiers, deux productions incontournables de l'Anjou (20 % de la production française de pommes). L'objectif est de les rendre plus résistantes aux maladies et influencer certaines caractéristiques (couleur et taille du fruit par exemple).

Le projet Bungee (Breeding using jumping genes) vise à aller beaucoup plus loin : avec le changement climatique, on peut s'attendre à plus de sécheresse, plus de sel dans les sols, ou plus de pluie dans certaines régions. Le but du projet est de pouvoir adapter les plantes à ces nouveaux stress, en utilisant les éléments transposables des plantes pour améliorer leur résistance.

L'équipe angevine a mis au point un traitement qui permet aux éléments transposables de se multiplier plus vite, d'être davantage en mouvement sur le génome, et d'activer plus de gènes de protection à un stress.

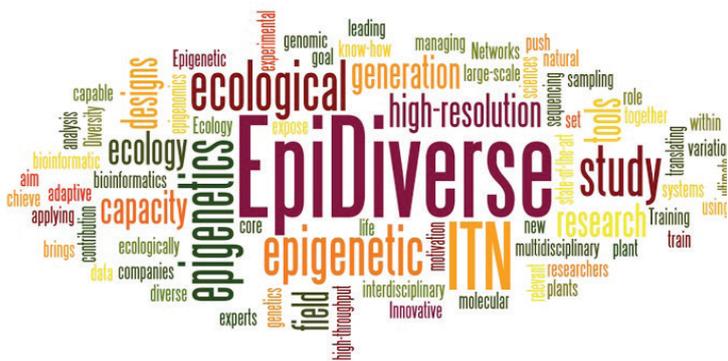
Grâce à ce procédé inédit, on peut arriver en 1 an à une évolution qui aurait pris 10 000 ans dans la nature. On accélère une évolution naturelle, pour que la plante s'adapte plus rapidement à un stress abiotique ou biotique.

Il ne s'agit pas d'une sélection génétique (par croisement de plantes, très long), ni d'une modification génétique (OGM), mais d'une nouvelle voie. L'avantage, c'est qu'on peut utiliser la meilleure lignée d'une plante, avec ses meilleures caractéristiques, mais en la faisant évoluer dans une direction voulue. Cette méthode peut avoir un effet très important sur la façon dont on crée de nouvelles variétés.

Contact : Etienne Bucher, UMR IRHS, etienne.bucher@inra.fr

EPIDIVERSE : la diversité épigénétique en écologie [ITN]

Comment les variations épigénétiques peuvent contribuer à la capacité adaptative des plantes ?



Avec le projet européen ITN (Innovative Training Networks) EpiDiverse, une nouvelle génération d'experts pluridisciplinaires en épigénétique pourra utiliser, gérer et traduire des outils génomiques et bioinformatiques de haute résolution afin d'étudier le rôle épigénétique dans l'écologie.

L'objectif principal de la recherche interdisciplinaire du projet EpiDiverse est de pousser le champ épigénétique des plantes écologiques en appliquant les outils de recherche haute résolution en épigénomique et en échantillonnage du champ écologique, ainsi que des conceptions expérimentales de différents systèmes d'étude écologiques pertinents. Le but est de montrer comment les variations épigénétiques peuvent contribuer à la capacité

adaptative des plantes. Ainsi EpiDiverse réunit le savoir-faire de pointe en menant des chercheurs en épigénétique vers la génétique moléculaire, l'écologie et la bio-informatique à celui de partenaires en sciences de la vie pour la génération et l'analyse de données de séquences épigénétiques dans les études écologiques à grande échelle.

Partenaires :

- Koen Verhoeven, Coordinator, Koninklijke Nederlandse Akademie van Wetenschappen, The Netherlands
- Lars Opgenoorth, Philipps Universitaet Marburg, Germany
- Oliver Bossdorf, Eberhard Karls Universitaet Tuebingen, Germany
- Vit Latzel, Botanicky Ustav AVCR, Czechia
- Claude Becker, Gregor Mendel Institute of Molecular Plant Biology, Austria
- Marie Mirouze, Institut de Recherche pour le Developpement, France
- Detlef Weigel, Max Planck Gesellschaft zur Förderung der Wissenschaften, Germany
- David Langenberger, ecSeq GmbH, Germany
- Conchita Alonso, Agencia Estatal Consejo Superior de Investigaciones Cientificas, Spain
- Michele Morgante, IGA Technology Services, Italy
- Ivo Grosse, Martin Luther Universitaet Halle-Wittenberg, Germany

Contact : Etienne Bucher, UMR IRHS, etienne.bucher@inra.fr

EUCLEG : réduire la dépendance de l'Europe et de la Chine aux protéines végétales importées [H2020]

Amélioration des légumineuses fourragères et à graines afin d'accroître l'autosuffisance.



L'Europe et la Chine manquent de protéines végétales pour l'alimentation animale et humaine. Ainsi, en 2013, la Chine a importé 60 millions de tonnes de soja (soit 60% du marché mondial) et ses besoins grandissent. En Europe, nous importons 70% de notre consommation qui reste stable.

L'objectif du projet EUCLEG est d'améliorer la diversification, la productivité, la stabilité du rendement et de la qualité des protéines des légumineuses fourragères (luzerne et trèfle violet) et à graines (pois, féverole et soja). En utilisant des ressources génétiques diverses et variées et en bénéficiant de l'avancée des outils moléculaires, EUCLEG vise à identifier et à développer les meilleures ressources génétiques, méthodes phénotypiques et outils moléculaires pour sélectionner des variétés de légumineuses ayant une performance améliorée sous stress abiotiques et biotiques, dans les principales régions d'Europe et de la Chine.

Pour contribuer à évaluer les ressources génétiques, l'INRA apportera son expertise sur la génétique quantitative et moléculaire des légumineuses et sur le développement de nouvelles méthodes de phénotypage et de génotypage :

- L'URP3F étudiera une vaste gamme de populations de luzerne d'Europe et de Chine : elle évaluera la variabilité génétique et les interactions entre génétique et environnement pour 150 populations ; elle cherchera des associations marqueurs – phénotype pour 400 populations ; elle mesurera le potentiel offert par la sélection génomique sur ces 400 populations et sur environ 600 populations déjà phénotypées par des sélectionneurs.
- L'UMR IRHS phénotypera les différentes étapes qui sont importantes pour l'établissement des jeunes plantules, de la germination à la levée, et ainsi, la bonne implantation des cultures des légumineuses. Grâce à la plateforme de phénotypage PHENOTIC développée au sein de SFR Quasav par l'équipe ImHorPhen de l'UMR IRHS et le Geves, la variabilité génétique liée à la germination, l'élongation des organes primaires de la plantule (hypocotyle/racine primaire) et à la levée sera évaluée en différentes conditions d'environnement sur 400 populations de luzerne et trèfle violet et 400 accessions de pois et soja. Les données de phénotypage serviront à chercher des associations marqueurs – phénotype pour améliorer l'implantation des cultures et le rendement chez les légumineuses par des approches GWAS.

Partenaires :

Coordonné par l'unité P3F (INRA Nouvelle-Aquitaine Poitiers), ce projet de 4 ans rassemble 38 partenaires publics et privés en France tels que l'INRA, INRA Transfert, Jouffray-Drillaud, RAGT et Barenburg, et dans 12 autres pays d'Europe et en Chine.

Contact : Julia Buitink, UMR IRHS, julia.buitink@inra.fr

SEEDS : SuccEssion des Ensembles microbiens lors du Développement des Semences [ANR]

Quels sont les processus impliqués ?



De nombreux micro-organismes sont naturellement associées aux graines d'une multitude d'espèces végétales. L'activité de ces micro-organismes peut avoir des effets bénéfiques, neutres ou délétères pour la croissance et la santé des plantes. L'amélioration de la croissance et la santé des plantes via l'utilisation de micro-organismes vectés par les graines est une alternative prometteuse à l'enrobage de semences.

L'enjeu du projet SEEDS est de comprendre les processus écologiques et biologiques impliqués dans la formation des communautés microbiennes associées aux semences, pour à terme en assurer une gestion optimale. Dans un premier temps le projet SEEDS s'intéressera à la formation de ces communautés lors du développement de la graine. Puis l'influence relative des processus de sélection ou de dérive écologique dans l'assemblage de ces communautés sera estimée. Enfin les déterminants moléculaires impliqués dans la colonisation des graines par certains taxons bactériens seront analysés.

Partenaires :

Coordonné par Matthieu Barret (UMR IRHS), ce projet est soutenu par l'initiative Phyto-biomes et sera mené au sein de l'UMR IRHS en collaboration avec une entreprise semencière (Vilmorin) et un laboratoire de l'Université de Berkeley.

Contact : Matthieu Barret, UMR IRHS, matthieu.barret@inra.fr

FRIENDLY FRUIT : cultures de pommier et fraisier [Climate-Kic]

Tester, étudier l'impact et transférer de bonnes pratiques respectueuses de l'environnement.



Le projet Friendly Fruit a été sélectionné par l'EIT (European Institute of Innovation & Technology) - Climate Kic pour 3 ans à partir de février 2018. C'est un projet de 3M€, financé à hauteur d'environ 1.8M€.

Le projet a pour but de tester, étudier l'impact et transférer de bonnes pratiques respectueuses de l'environnement sur les cultures de pommier et fraisier.

Sur la base des dernières avancées de la recherche et de l'expérimentation, Friendly Fruit va mettre en place des pratiques culturales innovantes respectueuses de l'environnement pour mieux gérer la biodiversité, limiter l'utilisation et mettre en place des approches alternatives des produits phytosanitaires, améliorer la gestion de l'eau, de la fertilisation et du carbone dans les sols, réduire les gaz à effets de serre. Ces pratiques seront mises

en place dans des vergers expérimentaux et commerciaux principalement au Maroc, en France et en Italie pour la fraise ; en République Tchèque, en France, en Italie et en Espagne pour la pomme.

Friendly fruit étudiera l'impact de chacune de ces pratiques sur des plans agronomique, économique mais également social (notamment en terme d'organisation). Une politique de dissémination ambitieuse visera le transfert des pratiques les plus vertueuses et efficaces vers les filières en se basant sur des relais existants tels que le GISFruits en France et le réseau Européen Eufrin mais également en mettant en place des structures de transfert vers l'industrie.

Partenaires :

Ce projet, coordonné par François Laurens (UMR IRHS, Angers), a été monté en étroite collaboration avec Suzanne Reynders de la DS Environnement et Danone.

Il rassemble plusieurs unités INRA représentant trois départements INRA : BAP (unités IRHS, Angers ; AGAP Montpellier ; BFP Bordeaux) ; EA (unité PSH Avignon), SPE (unité UERI Gotheron).

Outre Danone, il accueille d'autres sociétés privées (MOM-Materne-MontBlanc), Agro-Transfert et des unités et instituts de recherche Européens : l'Université de Wageningen (NL), Ibimet (IT), l'Université de Bologne (IT). Il fait appel également à l'expertise du Ctifl, d'Invenio, du Cref, de l'IRTA (SP), du CREA (IT) et de l'Université polytechnique della Marche (IT).

Contact : François Laurens, UMR IRHS, francois.laurens@inra.fr

ROZENFORM : architecture, environnement et résistance aux maladies foliaires du rosier [Région Pays de la Loire]

Une étude participative sur la maladie des taches noires du rosier – du laboratoire au jardin du particulier.



Les rosiers sont sensibles à des maladies que les professionnels et les amateurs auront de plus en plus de mal à contrôler dans un contexte de réduction drastique de l'utilisation des produits phytosanitaires.

Le projet Roz'enForm, porté par l'UMR IRHS, propose aux jardiniers professionnels et amateurs de participer activement à un projet de recherche visant à caractériser la résistance du rosier à sa principale maladie foliaire : la maladie des taches noires, causée par le champignon *Diplocarpon rosae*.

Deux approches sont envisagées :

- La première vise à développer des outils innovants permettant à terme de garantir la mise sur le marché de variétés disposant d'une résistance à la maladie des taches noires validée en conditions contrôlées et sur le terrain.
- La deuxième partie du projet, complémentaire de la précédente, ambitionne d'éprouver l'hypothèse d'un lien entre l'architecture du rosier et sa sensibilité à la maladie des taches noires, ceci afin d'évaluer la pertinence de contrôler la forme de la plante pour limiter sa réceptivité à *D. rosae*.

Pour ces deux approches, une opération de science participative sera réalisée avec l'aide des jardiniers (prochainement sur le site Ephytia : <http://ephytia.inra.fr>)

Partenaires :

- UMR IRHS, INRA Pays de la Loire, porteur du projet
- DGAL-SDQSPV (DGAL-SDQSPV, Direction Générale de l'Alimentation - Sous-Direction de la Qualité, de la Santé et de la Protection des Végétaux)
- UMR SAVE (Santé et Agroécologie du VignOBIE) et UMR ISVV (Institut des Sciences de la Vigne et du Vin) – INRA Nouvelle Aquitaine Bordeaux
- SNHF (Société Nationale d'Horticulture de France)
- Terre des Sciences
- Association de Sauvegarde des Parcs Et Jardins d'Anjou (ASPEJA)

Contact : Laurence Hibrand-Saint Oyant, UMR IRHS, laurence.hibrand-saint-oyant@inra.fr

DiverIMPACTS : Diversification des cultures pour accroître la durabilité des systèmes agricoles [H2020]

Associations et successions de culture dans le cadre de la transition agroécologique.



DiverIMPACTS est un projet européen du programme H2020, coordonné par Antoine Meszéan (INRA, UAR1240 ECO-INNOV) et fédérant 34 partenaires européens. Il répond à l'enjeu actuel de parvenir à exploiter pleinement le potentiel de diversification des systèmes de culture pour en améliorer la production de services écosystémiques, la productivité, l'efficacité dans l'utilisation des ressources, et la contribution à la durabilité des filières.

Le projet DiverIMPACTS poursuit plusieurs objectifs :

Estimer les performances de la diversification des cultures au moyen des rotations (diversification temporelle), des associations de culture (diversification spatiale) et successions de cultures la même année.

Fournir aux acteurs des territoires les outils et innovations clés permettant de lever les freins à l'utilisation des bénéfices de la diversification des cultures au niveau des exploitations, des filières et des territoires

Faire des recommandations aux décideurs afin de faciliter la coordination de tous les acteurs concernés au sein des filières.

Le projet DiverIMPACTS met en réseau dix expérimentations testant au champ des systèmes diversifiés pour quantifier les impacts de ces pratiques, et accompagne 25 études de cas multi-acteurs dans leur dynamique de transition vers plus de diversification. Le projet conduira à proposer une gamme d'innovations techniques et organisationnelles à l'attention de tous les acteurs, des agriculteurs aux consommateurs, ainsi que des stratégies et des recommandations pour lever les freins et soutenir sur le long terme la diversification des cultures.

Le consortium comprend une grande diversité d'acteurs : agriculteurs et organisations agricoles, conseillers, coopératives, scientifiques, industriels, représentants de la société civile et des territoires. DiverIMPACTS accompagne et appuie les acteurs de l'innovation dans leur dynamique de développement de systèmes agricoles durables caractérisés par un niveau élevé de diversification des cultures et la proposition de nouveaux produits sur le marché. Au sein de ce consortium, sont impliqués des acteurs pionniers de la diversification des cultures, possédant une grande expérience dans la conception et l'évaluation multicritères des systèmes innovants et l'analyse des freins à la transition vers des systèmes diversifiés et durables répondant aux enjeux de Renaissance rurale.

Contact : Guénaëlle Corre-Hellou, USC LEVA, g.hellou@groupe-esa.com

DIVERSify : associations de cultures pour des écosystèmes résilients et une agriculture durable [H2020]

Aider au choix des espèces et variétés dans les associations de cultures productives.



Le projet H2020 DIVERSify fédère un consortium de 23 partenaires internationaux constitué de chercheurs (écologues et agronomes), agriculteurs, conseillers agricoles, sélectionneurs et entreprises, dans le but de co-construire et proposer une nouvelle approche et des outils pour étudier les mécanismes liés aux bénéfices apportés par les associations de cultures et les pratiques permettant de mieux les valoriser. DIVERSify se concentre sur les systèmes de grandes cultures et prairiaux.

Le projet, piloté par Ali Karley (James Hutton Institute, Dundee, UK), poursuit six objectifs :

Identifier les meilleures pratiques pour valoriser les associations de cultures, en collaboration avec les praticiens et sur la base des ressources bibliographiques.

Identifier les mécanismes permettant de valoriser les interactions positives entre espèces végétales et les interactions plante(s)-environnement en utilisant les principes de l'écologie, et mettre en place des expérimentations pour mieux comprendre les mécanismes sous-jacents.

Créer un nouvel outil pour aider au choix des espèces et des arrangements spatiaux dans le but d'améliorer les performances de ces cultures.

Collaborer avec les professionnels dans différentes régions pédoclimatiques d'Europe et d'Afrique du Nord et concevoir des guides pratiques de conception et de conduite des associations.

Construire un outil d'aide au choix des espèces et des variétés pour les praticiens à partir de données de performances d'associations collectées dans ces différentes régions.

Echanger et transférer les connaissances de façon participative, avec les praticiens et des partenaires d'autres consortiums de projets H2020, sans oublier le «Grand public».

L'approche participative de co-innovation développée dans DIVERSify permettra de créer des conditions favorables au transfert et à l'utilisation de connaissances scientifiques et d'outils de recherche, pour le développement de solutions pratiques de terrain et d'outils d'aide à la décision visant à améliorer la productivité, le contrôle des maladies et ravageurs, ainsi que les performances environnementales des associations de cultures à base de légumineuses.

Contact : Joëlle Fustec, USC LEVA, j.fustec@groupe-esa.com

Newsletter Inra en Pays de la Loire



La lettre électronique mensuelle "Inra en Pays de la Loire" est portée par un socle constitué d'une charte et d'un comité éditorial.

Cette initiative, lancée en mai 2014, a pour objectif de relayer une sélection d'informations sur les activités des unités du centre et leurs partenariats auprès de la communauté de travail, des professionnels, de la presse et du grand public : résultats de recherche et d'innovation, nouveaux projets de recherche, vie des projets, événements du centre et en région, actualité des doctorants, offres d'emploi et de stages...

Cette lettre reprend une sélection d'articles mis en ligne sur le site internet de centre mais aussi sur celui du site national de l'INRA.

Avec **11** numéros par an, la newsletter a ainsi permis de valoriser en 2017 :

- **41** résultats de recherche et d'innovation,
- **17** nouveaux projets de recherche,
- **54** événements en région,
- **21** soutenances de thèse,
- **23** offres d'emploi et de stages,
- **64** autres actualités,

auprès d'environ **2 300** destinataires mensuels.

www.inra.fr/Kiosque#centres



INRA
SCIENCE & IMPACT

- 42 rue G. Morel
49071 Beaucouzé Cedex
- 3 Impasse Y. Cauchois
44316 Nantes Cedex 3

Tél. Angers : + 33 2 41 22 56 00
Tél. Nantes : + 33 2 40 67 50 00
Mel : inra-pays-de-la-loire@inra.fr
www.angers-nantes.inra.fr

