

**Méthode d'analyse en santé des végétaux**

**RÉFÉRENCE : ANSES/LSV/MA083- Version 1**

Septembre 2025

# Détection des espèces européennes d'*Heterobasidion* spp. par la technique de PCR en temps réel

## Laboratoire de la santé des végétaux

Laboratoire national de référence " tous champignons sur toutes matrices sauf exceptions mentionnées dans l'arrêté du 30 mars 2023, modifié par l'arrêté du 23 juillet 2025"

## Historique de la méthode

Une méthode est mise à jour afin de prendre en compte des modifications.

*Une modification est qualifiée de majeure* lorsqu'elle concerne le processus analytique, le domaine d'application ou des points critiques de la méthode, dont la prise en compte peut modifier les performances de la méthode d'analyse et/ou les résultats. Une modification majeure induit des adaptations. La méthode ainsi modifiée a fait l'objet d'une nouvelle validation, totale ou partielle.

*Une modification est qualifiée de mineure* si elle apporte des précisions utiles ou pratiques, reformule les propos pour les rendre plus clairs ou plus précis, rectifie des erreurs bénignes. Une modification mineure est sans influence sur les performances de la méthode et ne requiert pas une nouvelle validation.

Le tableau ci-dessous récapitule l'historique des versions de la présente méthode, incluant la qualification des modifications.

Version	Nature des modifications (majeure/mineure)	Date	Principales modifications
v1		2025	Version initiale

\* La version 1 a fait l'objet d'une consultation du 09/09/2025 au 23/09/2025 sur le site internet de l'agence, notamment auprès des laboratoires agréés français.

## Avant-propos

La présente méthode a été développée par :

**Anses - Laboratoire de la Santé des Végétaux, Unité de Mycologie**

Laboratoire National de Référence Champignons phytopathogènes sur toute matrice

Adresse : Domaine de Pixérécourt, Bâtiment E, CS40009, 54220 Malzéville

Contact : [nancy.lsv@anses.fr](mailto:nancy.lsv@anses.fr)

La présente méthode a été validée par l'unité de mycologie du Laboratoire de la Santé des Végétaux. Elle est basée sur des travaux de recherche menés par l'unité concernant le développement et la validation d'oligonucléotides spécifiques (Ioos et al. 2019) et leur utilisation optimisée dans le cadre d'un plan de surveillance financé par le Département de la Santé des Forêts (Beltran and Ioos 2025).

## Sommaire

<b>Avant-propos .....</b>	<b>3</b>
<b>Introduction.....</b>	<b>5</b>
<b>Avertissements et précautions de sécurité .....</b>	<b>6</b>
<b>1. Objet et domaine d'application .....</b>	<b>7</b>
<b>2. Documents de référence .....</b>	<b>7</b>
<b>3. Termes, sigles et définitions .....</b>	<b>7</b>
<b>4. Principe de la méthode.....</b>	<b>8</b>
<b>5. Réactifs.....</b>	<b>9</b>
5.1 Eau.....	9
5.2 Kits d'extraction d'ADN .....	9
5.3 Oligonucléotides.....	10
5.4 Pré-mix de PCR en temps réel .....	10
5.5 Autres consommables à usage unique .....	10
5.6 Contrôles et témoins.....	11
<b>6. Appareillage et matériels.....</b>	<b>12</b>
<b>7. Échantillons .....</b>	<b>13</b>
7.1 Conditions d'acceptation des échantillons .....	13
7.2 Conservation des échantillons avant analyse .....	14
7.3 Conservation des échantillons ou reliquats après analyse.....	14
<b>8. Mode opératoire.....</b>	<b>14</b>
8.1 Préparation des échantillons pour analyse .....	14
8.2 Broyage des prises d'essai et extraction de l'ADN total .....	15
8.3 Test de détection par PCR en temps réel .....	16
<b>9. Résultats .....</b>	<b>18</b>
9.1 Contrôle de la validité des résultats .....	18
9.2 Calculs et expression des résultats .....	18
<b>10. Caractéristiques de performance de la méthode.....</b>	<b>20</b>
<b>Bibliographie.....</b>	<b>23</b>

## Introduction

Quatre espèces du complexe de champignons pathogènes forestiers *Heterobasidion annosum sensu lato* (s.l.) sont présentes en Europe : *H. annosum sensu stricto* (s.s.), *H. abietinum* et *H. parviporum* sont des espèces indigènes, tandis que *H. irregulare* est une espèce envahissante non indigène qui n'est actuellement signalée qu'en Italie, mais dont la réglementation est recommandée dans toute l'Europe par l'EPPO.

Ces espèces sont responsables de graves pertes économiques et environnementales, et sont considérées comme des menaces majeures pour les conifères dans l'hémisphère nord. En fonction de l'espèce hôte, les pertes causées par ces *Heterobasidion* spp. sont associées soit à la pourriture des racines entraînant la mortalité de l'arbre, soit au développement de la pourriture du bois de cœur dans les racines, le tronc et la tige, ce qui nuit à la qualité du bois et à la stabilité des arbres.

*H. annosum* s.s. attaque principalement les pins (*Pinus* spp.), bien qu'il puisse également être trouvé sur d'autres hôtes, y compris l'épicéa commun (*Picea abies*) et même occasionnellement les feuillus. *H. parviporum* et *H. abietinum* sont principalement respectivement associés à l'épicéa commun et au sapin (*Abies* spp.)

L'espèce *H. irregulare* est d'origine nord-américaine. Elle a été introduite en Europe probablement pendant la Seconde Guerre mondiale. Depuis lors, elle est devenue envahissante, se propageant dans les peuplements de pins et de chênes le long de la côte tyrrhénienne dans le centre de l'Italie, souvent en association avec une mortalité importante chez les pins. Cette espèce est également capable de s'hybrider avec *H. annosum* s.s.

Cette méthode qualitative permet de détecter la présence de chacune de ces quatre espèces dans des tissus ligneux, des carpophores, ou du mycelium par la technique de PCR (Polymerase Chain Reaction) en temps réel.

## **Avertissements et précautions de sécurité**

**Il convient que l'utilisateur de la présente méthode connaisse bien les pratiques courantes de laboratoire. Il incombe à l'utilisateur d'établir des pratiques appropriées en matière d'hygiène et de sécurité et de s'assurer de la conformité à la réglementation en vigueur.**

**Il est essentiel que les manipulations conduites conformément à la présente méthode soient exécutées par du personnel ayant reçu une formation appropriée.**

L'exigence de confinement pour la manipulation de formes viables de cet agent pathogène doit être en accord avec la réglementation en vigueur dans la région où se situe le laboratoire d'analyse.

### **Élimination des matériels susceptibles d'être contaminants :**

Le laboratoire doit mettre en œuvre des mesures prenant en compte ces risques pour garantir la non dissémination de l'organisme nuisible dans l'environnement.

Les tubes et autres consommables plastiques ayant été utilisés pendant la phase d'extraction - purification d'ADN total peuvent être éliminés sans traitement particulier (plus de parasite viable à ce stade).

Les tubes et autres consommables plastiques ayant été utilisés lors de la phase de préparation du mélange réactionnel et chargement des solutions d'ADN peuvent être éliminés sans traitement particulier.

## 1. Objet et domaine d'application

L'objet de cette méthode est de détecter la présence de *Heterobasidion annosum* s.s., *H. abietinum*, *H. parviporum*, et *H. irregulare* dans un échantillon de tissu ligneux, ou à partir d'un carpophore par deux tests PCR en temps réel multiplex réalisés simultanément et utilisant des combinaisons d'amorces et de sondes d'hydrolyse spécifiques.

Cette méthode est qualitative : elle permet de détecter les quatre espèces dans la limite du seuil de détection des techniques employées sans objectif de quantification.

Les échantillons pour lesquels une réponse négative est obtenue sont considérés comme indemnes de chacune des quatre espèces ou contaminés à un niveau trop faible pour être mis en évidence par les techniques utilisées.

### Objets susceptibles d'être soumis à analyse.

Cette méthode concerne les conifères symptomatiques. Peuvent être soumis à analyse des échantillons de tissus lignifiés sous forme de copeaux ou de sciure, ou des carpophores.

### Limitations relatives aux objets susceptibles d'être soumis à analyse

Sans objet.

### Grandeur de l'objet soumis à analyse.

Sans objet.

## 2. Documents de référence

- [1] **MOA 022** : Techniques qualitatives d'amplification enzymatique des acides nucléiques : PCR (Polymerase Chain Reaction), RT-PCR (Reverse Transcription-PCR) et PCR temps réel. Détection des organismes phytopathogènes

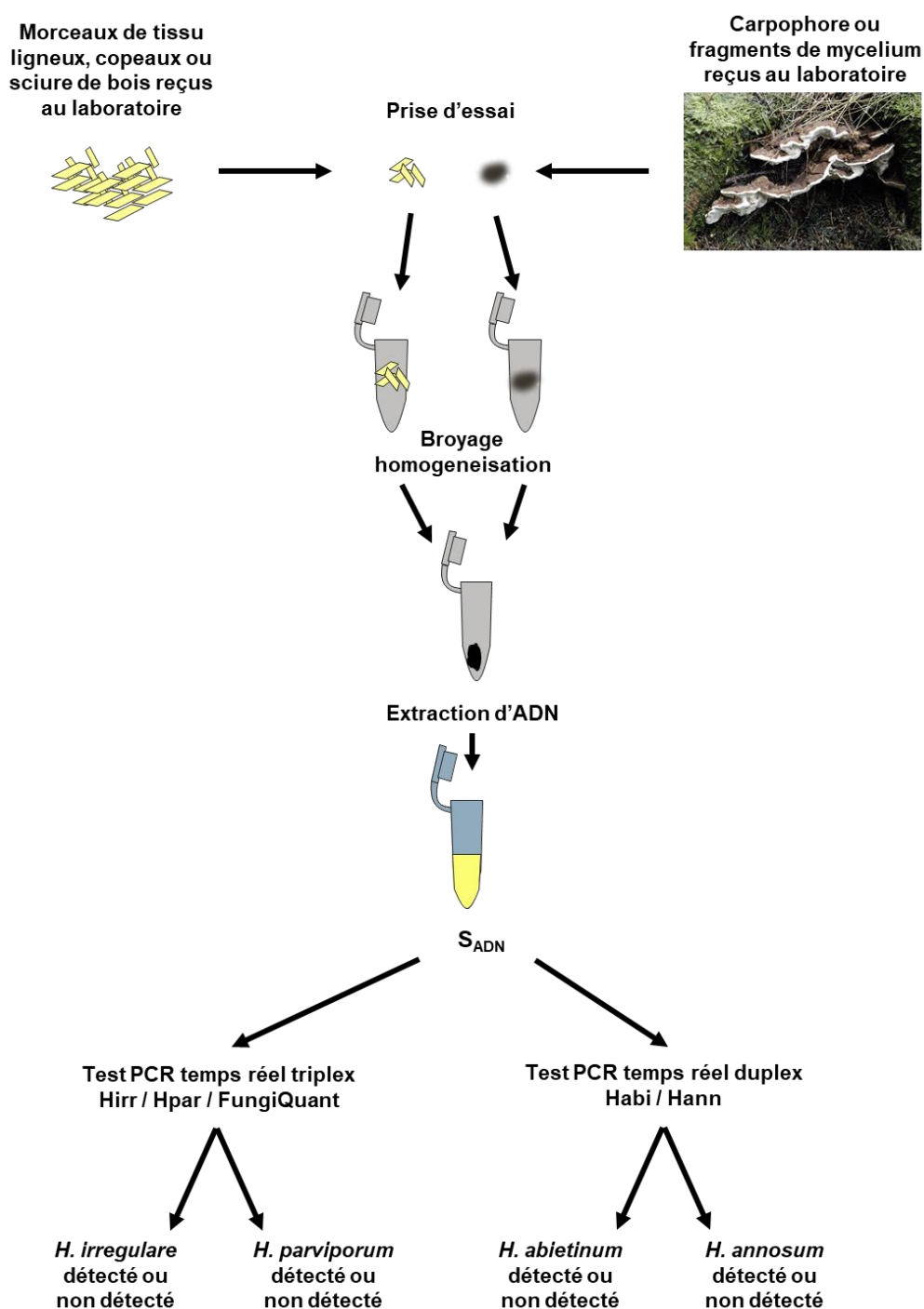
## 3. Termes, sigles et définitions

Afin de limiter les problèmes d'interprétation des termes employés, le vocabulaire utilisé dans la présente méthode d'analyse est issu des normes, guides ou glossaires nationaux ou internationaux appropriés (AFNOR, ISO, CIPV, OEPP...).

Le glossaire GLO-001 reprend les principales définitions. L'attention des lecteurs est attirée sur le fait que les termes intégrés au glossaire ne sont, en règle générale, pas spécifiquement repérés dans le corps de la méthode d'analyse.

## 4. Principe de la méthode

Le principe de la méthode est présenté dans le schéma ci-dessous :



**Figure 1:** Principe de la méthode de détection des espèces d'*Heterobasidion* spp. basée sur deux tests PCR en temps en triplex et en duplex réalisés en parallèle.



## 5. Réactifs

**Avertissement** : Des appellations commerciales ou fournisseurs peuvent être mentionnées dans le descriptif des produits nécessaires à la mise en œuvre de la présente méthode. Ces informations sont données à l'intention des utilisateurs de la méthode et ne signifient nullement que l'Anses recommande l'emploi exclusif de ces produits. Des produits équivalents peuvent être utilisés s'il est démontré qu'ils conduisent aux mêmes résultats.

En règle générale, le manipulateur doit veiller (par l'utilisation de produits et consommables certifiés, nettoyage, stérilisation ou tout autre traitement approprié) à l'absence dans l'eau, produits et consommables utilisés, de contamination (ADN ou ARN), de nucléase, d'inhibiteur ou de tout autre élément pouvant influencer sur le résultat.

Les recommandations des fournisseurs concernant les conditions de stockage avant utilisation seront suivies, ainsi que la conservation en cours d'utilisation. A défaut le laboratoire définira les conditions qu'il jugera satisfaisantes.

### 5.1 Eau

L'eau utilisée comme réactif doit présenter une qualité suffisante pour une utilisation en biologie moléculaire.

### 5.2 Kits d'extraction d'ADN

L'ADN total des échantillons analysés (à la fois ADN végétal et ADN de microorganismes présent sur le prélèvement) est extrait et purifié à l'aide d'un mini kit d'extraction d'ADN de plante disponible dans le commerce. Le kit d'extraction initialement validé pour cette méthode est le DNeasy® Plant Mini Kit (Qiagen), en utilisant le tampon de lyse AP1 fourni par le fabricant (loos et al. 2019, Beltran and loos 2025).

### 5.3 Oligonucléotides

**Tableau 1** : séquences des amorces et sondes utilisées dans cette méthode

Cible	Amorce ou sonde	Séquence (5' – 3')
<i>H. abietinum</i>	Habi For 4 <sup>a</sup>	TCG TTT CAG CCC TTT CCA A
	Habi Rev 14 <sup>a</sup>	TTG ATG AAT ATA GTG CGC CTC G
	Habi P 7 <sup>a</sup>	Cy5- GG TGC GTC GTC GCC TTC ATT ATT TT-BHQ2
<i>H. annosum</i> s.s.	Hann For 14 <sup>a</sup>	CGT CGC CTT AAT GAT TTC ATA AG
	Hann Rev 10 <sup>a</sup>	TGT CAC TGT ACT GTT TCT TTA GC
	Hann P 11 <sup>a</sup>	FAM-ACC ATA CAY GTT GGC GGG AAC CTC-BHQ1
<i>H. irregulare</i>	Hirr For 1 <sup>a</sup>	CGT CGT CTC CAT GAT CTC AA
	Hirr Rev 5 <sup>a</sup>	TTG ATG AAT ATA GTG CGC TTC A
	Hirr P 5 <sup>a</sup>	JOE-CCA TWC ACG TTG GCG GGA ACC TT-BHQ1
<i>H. parviporum</i>	Hpar For 4 <sup>a</sup>	CAA TCG TAT GGG GTC ATT GTA A
	Hpar Rev 6 <sup>a</sup>	CAC ATC CGC CAT GTC CC
	Hpar P 8 <sup>a</sup>	ROX-GAT CTG CGA GCC CGA CGA ACC G-BHQ2
Toute espèce fongique	FungiQuant-F <sup>b</sup>	GGR AAA CTC ACC AGG TCC AG
	FungiQuant-R <sup>b</sup>	GSW CTA TCC CCA KCA CGA
	FungiQuant-Prb <sup>b</sup>	FAM-TGG TGC ATG GCC GTT-BHQ1

<sup>a</sup> loos et al. (2019)

<sup>b</sup> Liu et al. (2012)

D'autres fluorophores rapporteurs peuvent être utilisés pour chaque sonde, sous réserve que le fluorophore extincteur associé soit adapté.

### 5.4 Pré-mix de PCR en temps réel

Le kit d'amplification initialement validé pour cette méthode est le Core kit No ROX (Eurogentec) (loos et al. 2019). Un autre kit a été depuis validé, le Takyon No Rox Probe MasterMix blue dTTP (Eurogentec), qui remplace le kit initialement validé après l'arrêt définitif de sa production par le fabricant (Beltran and loos 2025).

### 5.5 Autres consommables à usage unique

- Microcônes stériles à filtre de volume adapté
- Microtubes stériles de 2 mL

- Microtubes ou capillaires stériles pour PCR de volume adapté au thermocycleur temps réel utilisé, à paroi fine, individuels, en barrette de 4, 8 ou en plaque de 96.
- Microtubes de lysing matrix A (MP Biomedicals) ou tout autre consommable permettant d'obtenir une qualité de broyage équivalente pour le broyage de tissus ligneux.

## 5.6 Contrôles et témoins

La technique de détection de régions cibles d'ADN d'un organisme par la technique de PCR en temps réel impose l'utilisation d'une série de contrôles et témoins permettant de valider la bonne qualité de la manipulation. Ces contrôles et témoins ont différentes fonctions et leur utilisation permet de garantir que :

- i) l'opérateur a correctement suivi le protocole,
- ii) les consommables et réactifs utilisés étaient de qualité suffisante,
- iii) les volumes prélevés à l'aide des micropipettes, les températures et durées de réaction, la concentration et le pH des solutions utilisées étaient corrects,
- iv) l'extrait d'ADN était suffisant en quantité et amplifiable (pas d'interférence avec des composés inhibiteurs),
- v) il n'y a pas eu de contamination accidentelle des échantillons testés.

Les contrôles à produire au cours de l'analyse sont à *minima* les suivants :

- **Un contrôle de la qualité de l'extraction d'ADN et de la présence d'inhibiteurs sera réalisé pour chaque prise d'essai.** Il prendra la forme d'un test PCR temps réel utilisant la combinaison d'amorces / sonde FungiQuant (Liu et al. 2012). Ce test sera réalisé en combinaison avec les tests Hrr et Hpar. En revanche, l'analyse des courbes de fluorescence FungiQuant se limitera aux données acquises lors des 30 premiers cycles exclusivement. Une solution d'ADN ( $S_{ADN}$ ) sera dite positive pour le test FungiQuant si le Ct (Cycle threshold, cycle seuil) moyen généré est dans une gamme de Ct acceptable, préalablement déterminée expérimentalement par le laboratoire, sur ce type de matrice dans ses propres conditions.

**Dans les conditions de validation de ce test la valeur maximale acceptable de Ct moyen pour le test FungiQuant a été déterminée à 26.51 (cf Dossier LNR de validation de la méthode MIAM 014).**

- **Un témoin négatif d'extraction ( $T_{extr.}$ )** sera préparé pour toute série d'extractions. Une prise d'échantillon "vide" ( $=T_{extr.}$ ), c'est-à-dire un microtube vide de lysing matrix A de 2 mL stérile, subira donc toutes les phases de l'analyse (prise d'essai-broyage-extraction-PCR) pour vérifier l'absence de contamination lors de la prise d'essai et de la phase d'extraction d'ADN (1er type de faux positif) et sera testé en duplicata lors de chaque réaction de PCR en temps réel pour vérifier l'absence de contamination croisée entre échantillons ou de contamination externe lors de la phase d'extraction d'ADN. Le tube faisant fonction de  $T_{extr.}$  doit impérativement être ouvert avant toute manipulation d'échantillons, rester ouvert pendant toute la phase de manipulation des échantillons, et être refermé à la fin de la manipulation des échantillons, et ce, à chaque étape pendant laquelle les tubes d'échantillons doivent être ouverts.

- **Un témoin positif T+ FungiQuant** sera systématiquement testé en duplicata lors de chaque réaction de PCR en temps réel. Il permet de vérifier que la réaction PCR FungiQuant s'est effectuée de façon correcte et que l'ADN est exploitable. Ce T+ est constitué d'une solution calibrée d'ADN génomique dosée à  $5.98 \times 10^{-3}$  ng/ $\mu$ L obtenue à partir d'un échantillon de carpophore d'*Heterobasidion*.
- **Un témoin positif en limite pratique de détection (T+<sub>LOD</sub>)** sera systématiquement testé en duplicata lors de chaque réaction de PCR en temps réel, et pour chacune des quatre cibles. Il permet de vérifier que la réaction PCR s'est effectuée de façon optimale (conditions thermodynamiques, volumétriques, et chimiques) pour que la plus petite quantité détectable de *H. annosum* s.s., *H. abietinum*, *H. parviporum*, et *H. irregulare* puisse avoir été détectée dans un échantillon par ce protocole. Ce T+<sub>LOD</sub> est constitué d'une solution calibrée de plasmides bactériens dans lesquels sont insérées la cible de chacun des quatre test PCR en temps réel. Ces T+<sub>LOD</sub> doivent être caractérisés par le laboratoire dans ses propres conditions. En pratique, le T+<sub>LOD</sub> a été ici défini comme la plus petite quantité de cible produisant un résultat positif dans 100 % des cas.

Dans les conditions de validation du LNR, la limite de détection du test a été estimée à :

- 224 copies plasmidiques de cible pour le test *H. annosum* s.s. par tube de PCR
- 178 copies plasmidiques de cible pour le test *H. irregulare* par tube de PCR
- 164 copies plasmidiques de cible pour le test *H. parviporum* par tube de PCR
- 224 copies plasmidiques de cible pour le test *H. abietinum* par tube de PCR

(cf Dossier LNR de validation de la méthode MIAM 014).

- **Un témoin négatif d'amplification (T- ou NTC, no template control)** sera systématiquement introduit en duplicata lors de chaque réaction de PCR en temps réel. Une prise d'échantillon "eau" subira donc toutes les phases de l'analyse à partir de la préparation du mélange réactionnel de PCR pour vérifier l'absence de contamination lors de cette phase et lors du chargement des S<sub>ADN</sub> dans les tubes individuels de PCR (2<sup>ème</sup> type de faux positifs).

Ces contrôles ainsi que des contrôles supplémentaires que le laboratoire peut ajouter si nécessaire sont définis par la MOA 022.

## 6. Appareillage et matériels

**Avertissement :** Des appellations commerciales ou fournisseurs peuvent être mentionnées dans le descriptif des appareils et matériels nécessaires à la mise en œuvre de la présente méthode. Ces informations sont données à l'intention des utilisateurs de la méthode et ne signifient nullement que l'Anses recommande l'emploi exclusif de ces matériels. Des matériels équivalents peuvent être utilisés s'il est démontré qu'ils conduisent aux mêmes résultats.

L'agencement et l'équipement des zones de travail sont définis dans la MOA 022.

Les matériels utilisés dans la méthode doivent satisfaire aux exigences de la MOA 022 en vigueur.

Les considérations d'ordre métrologique à appliquer sont celles de la MOA 022 ou de la norme ISO 8655 (versions en vigueur).

En plus de l'appareillage courant d'un laboratoire de biologie moléculaire, le matériel suivant est jugé nécessaire pour certaines phases de l'analyse :

- Appareil de PCR en temps réel et ordinateur de pilotage capables de mesurer la fluorescence des fluorophores de type « FAM », « JOE », « Cy5 », et « ROX » ou des fluorophores de spectres équivalents. Cette méthode a été validée sur un appareil Rotorgene 6500, Corbett Research/Qiagen (cf **Dossier LNR de validation de la méthode MIAM 014**).
- Poste de sécurité microbiologique pour la préparation des prises d'essai.
- Cette méthode a été validée en utilisant un broyeur de tissu orbital oscillant (de type Fast Prep, MP Biomedicals) avec adaptateur et portoirs pour tubes de 2 mL. Tout autre système de broyage peut être utilisé, pourvu qu'il permette d'obtenir une qualité de broyage équivalente.
- Hotte à flux laminaire ou poste de sécurité microbiologique pour préparation du mélange réactionnel et chargement des échantillons dans les tubes de PCR (si possible deux hottes ou postes séparés).

## 7. Échantillons

### 7.1 Conditions d'acceptation des échantillons

Pour que les échantillons soient acceptés sans réserve, les éléments suivants doivent être respectés :

#### **Nature et état de l'échantillon compatibles avec l'analyse :**

Les échantillons sont constitués de tissus ligneux (tronçons, copeaux, ou sciure), de carpophore de champignon, ou de tissus mycéliens. Le temps entre le prélèvement et l'arrivée au laboratoire doit être le plus réduit possible. Si les échantillons ne sont pas envoyés le jour même, ils doivent être conservés au froid avant l'envoi.

#### **Confection du colis :**

Chaque échantillon est conditionné individuellement dans un emballage hermétique et parfaitement identifié (référence figurant sur la fiche de demande d'analyse). Toutes les mesures doivent être prises pour conserver l'intégrité de l'échantillon et éviter les contaminations par d'autres échantillons.

#### **Fiche de demande d'analyse :**

Formulation claire de la demande, marchandise consignée ou non, identification du végétal, de l'expéditeur, référence des échantillons.

## **7.2 Conservation des échantillons avant analyse**

Le délai entre la réception de l'échantillon et le début effectif de l'analyse doit être inférieur à 15 jours. L'échantillon devra pendant ce temps être conservé à  $5^{\circ}\text{C} \pm 3^{\circ}\text{C}$ . Les prises d'essai en microtubes peuvent être conservées congelées jusqu'à 6 mois avant analyse.

## **7.3 Conservation des échantillons ou reliquats après analyse**

Sauf mention contraire explicite ou impossibilité technique avérée, les laboratoires doivent conserver les reliquats pertinents (nature, quantité et qualité) de matériel soumis à analyse, dans des conditions appropriées garantissant leur intégrité, au minimum jusqu'au dixième jour ouvrable suivant l'envoi au demandeur d'un rapport d'analyse concluant à la non mise en évidence de l'organisme recherché. Ce délai imposé est destiné à laisser le temps au demandeur de l'analyse de contester le résultat auprès du laboratoire (ce qui prolonge la conservation du reliquat jusqu'à l'issue de la contestation) et éventuellement de demander une analyse contradictoire.

Dans le cas d'un résultat autre que la non mise en évidence de l'organisme recherché, et sauf indications plus précises dans la méthode, l'ensemble des reliquats pertinents doit être conservé pendant une durée minimale de 12 mois, sauf pour les parties éventuellement transmises à un autre laboratoire agréé ou de référence, à qui est alors transférée la charge de conservation des reliquats. Le laboratoire national de référence peut demander que tout ou une partie de ces reliquats lui soient transmis, aux frais des laboratoires agréés ou reconnus, dans le cadre des missions qui lui sont confiées.

# **8. Mode opératoire**

## **8.1 Préparation des échantillons pour analyse**

Le laboratoire doit mettre en place une procédure adaptée à son environnement (locaux, infrastructures, ...) visant à éviter tout risque de confusion entre échantillons et de contamination d'un échantillon par un autre.

La prise d'essai se réalise de préférence sous hotte permettant la réalisation des manipulations en conditions stériles. Chaque échantillon est traité individuellement.

Le tube faisant office de témoin négatif d'extraction est placé ouvert sur le poste de travail avant la manipulation des échantillons pour prise d'essai et refermé en fin de prélèvement.



Chaque échantillon est traité individuellement et fait l'objet d'une seule prise d'essai. Les prises d'essai se réalisent sous un poste de sécurité microbiologique permettant la réalisation des manipulations en conditions stériles et prévenant tout échappement de l'agent pathogène.

- A partir de carottes ou de copeaux de bois, des fragments (maximum d'environ 2 x 2 x 5 mm) sont découpés préférentiellement dans les zones nécrosées si elles sont visibles (biomasse d'*Heterobasidion* spp. plus importante à ces endroits) à l'aide d'une lame de scalpel stérile. Ces fragments sont ensuite mélangés, pris aléatoirement et transférés dans un microtube de Lysing matrix A, jusqu'à un volume final (tissus plus consommables de broyage) représentant environ 1/4 du microtube.
- A partir de sciure, transférer dans un microtube de lysing matrix A une quantité dont le volume maximal représentera environ 1/4 du microtube.
- A partir de carpophore ou de mycélium, des fragments (maximum d'environ 2 x 2 x 5 mm) sont découpés à l'aide d'une lame de scalpel stérile. Ces fragments sont ensuite mélangés, pris aléatoirement et transférés dans un microtube de Lysing matrix A, jusqu'à un volume final (tissus plus consommables de broyage) représentant environ 1/4 du microtube.

## 8.2 Broyage des prises d'essai et extraction de l'ADN total

1. Déposer et ouvrir le tube faisant office de témoin négatif d'extraction sur le plan de travail pendant toute la durée de la manipulation des échantillons.
2. Avant ouverture du microtube contenant la prise d'essai, centrifuger brièvement le microtube afin de recueillir toutes les particules constituant l'échantillon au fond du microtube et débarrasser le capuchon de tout reliquat d'échantillon.
3. Ajouter le volume de tampon de lyse préconisé par le fabricant de kit d'extraction d'ADN dans chaque tube de prise d'essai. Si un dosage au spectrophotomètre est prévu, il sera parfois nécessaire à cette étape d'ajouter la RNase, enzyme qui dégrade les molécules d'ARN, fournie avec le kit d'extraction. Le volume à ajouter est celui préconisé par le fabricant.
4. Placer le microtube sur le portoir du broyeur FastPrep et broyer environ 1 minute à 6,5 unités. Recommencer cette étape une deuxième fois.
5. Centrifuger le microtube quelques secondes après le broyage pour recueillir l'échantillon au fond du tube et réduire la mousse.
6. Incuber chaque tube entre 15 et 20 min à environ 65°C (ou à la température recommandée par le fabricant de kit d'extraction d'ADN). Pendant l'incubation, vortexer chaque tube à au moins une reprise pour réhomogénéiser leur contenu qui aura tendance à sédimenter.
7. Suivre ensuite le protocole d'extraction prescrit par le fabricant, après avoir brièvement centrifugé les tubes afin de limiter les risques de projection à leur ouverture.
8. A la fin du mode opératoire prescrit par le fabricant, l'ADN total issus de fruits ou de culture pure est élué dans un volume final de 100 µL de tampon d'éluion. Cette solution constituera la solution (extrait) d'ADN directement analysée par PCR en temps réel (S<sub>ADN</sub>).

### 8.3 Test de détection par PCR en temps réel

#### Préparation et distribution des mélanges réactionnels de détection

La composition de chaque mélange réactionnel (volume réactionnel de 20 µL) est la suivante :

#### PCR temps réel duplex Habi + Hann :

**Tableau 2** : composition du mélange réactionnel pour la détection d'*H. abietinum* et *H. annosum* s.s.

Composé	Concentration finale
Eau Ultra Pure	qsp 18 µL
Takyon No Rox Probe MasterMix blue dTTP	1x
Amorce sens Habi For 4	0.3 µM
Amorce antisens Habi Rev 14	0.3 µM
Sonde Habi P 7	0.1 µM
Amorce sens Hann For 14	0.3 µM
Amorce antisens Hann Rev 10	0.3 µM
Sonde Hann P 11	0.1 µM

#### PCR temps réel duplex Hirr + Hpar + FungiQuant :

**Tableau 3** : composition du mélange réactionnel pour la détection d'*H. irregulare*, *H. parviporum* et FungiQuant.

Composé	Concentration finale
Eau Ultra Pure	qsp 18 µL
Takyon No Rox Probe MasterMix blue dTTP	1x
Amorce sens Hirr For 1	0.3 µM
Amorce antisens Hirr Rev 5	0.3 µM
Sonde Hirr P 5	0.1 µM
Amorce sens Hpar For 4	0.3 µM
Amorce antisens Hpar Rev 6	0.3 µM
Sonde Hpar P 8	0.1 µM
Amorce sens FungiQuant-F	1.8 µM
Amorce antisens FungiQuant-R	1.8 µM
Sonde FungiQuant-Prb	0.23 µM

1. Les deux mélanges réactionnels se préparent chacun dans un microtube stérile de 1.5 ou 2 mL.
2. Les différents composants sont décongelés à température ambiante puis homogénéisés par vortexage.
3. Les différents composants de chaque mélange réactionnel sont ajoutés au microtube stérile à l'aide de micropipettes obligatoirement munies de microcônes stériles à embout filtre.



4. Le microtube contenant le mix complet doit être passé au vortex pendant au moins 5 secondes avant sa distribution.
5. Le mix est distribué dans les microtubes de PCR à raison de 18  $\mu$ L par microtube.

### Addition des solutions d'ADN à tester dans les microtubes de PCR

L'addition des  $S_{ADN}$  à tester ainsi que des solutions d'ADN servant de témoins s'effectuera de préférence dans une zone physiquement séparée de la zone où se sont effectuées la préparation et la distribution du mélange réactionnel. Il est obligatoire d'utiliser un jeu de micropipettes uniquement réservé à cet effet.

1. Les différentes solutions  $S_{ADN}$  correspondant aux différentes prises d'essai sont testées en duplicata (2 tubes ou capillaires PCR individuels) à raison de 2  $\mu$ L par microtube de PCR à l'aide d'une micropipette munie d'un microcône stérile à embout filtre.
2. Les  $S_{ADN}$  des différents contrôles sont ajoutées et testées en duplicata :  $T_{-extr}$ ,  $T_{+LOD}$ , etc. Pour le T- (NTC), on substitue à la  $S_{ADN}$  2  $\mu$ L d'eau ultra pure. Il est recommandé d'ajouter les témoins positifs en fin de manipulation, après avoir refermé de façon étanche les tubes correspondants aux échantillons à tester.
3. Les microtubes sont transférés dans le bloc ou le rotor du thermocycleur.

### Paramètres de l'amplification par PCR en temps réel

Les différents paramètres des PCR en temps réel duplex et triplex pour la détection des *Heterobasidion* spp. sont identiques et sont les suivants (loos et al. 2019):

**Tableau 4** : programme PCR à utiliser pour la réaction duplex et pour la réaction triplex.

Etape		Température de consigne	Durée programmée	Nombre de cycles
1	Dénaturation initiale et activation de la polymérase à ADN*	95°C	3 min	1
2	Dénaturation	95°C	15 sec	40
3	Hybridation - polymérisation	65°C	55 sec puis mesure de la fluorescence	

A la fin de l'amplification par polymérisation en chaîne, les tubes de PCR sont évacués et détruits.

## 9. Résultats

### 9.1 Contrôle de la validité des résultats

La validation de l'analyse s'effectue en observant les courbes de fluorescence mesurées par l'appareil de PCR en temps réel et générées à partir des différents témoins.

L'analyse est considérée validée si et seulement si l'ensemble des conditions suivantes est réuni en fin de réaction :

- a) Aucun des réplicats de T<sub>-extr</sub> n'a généré de fluorescence « FAM », « JOE », « ROX » ou « Cy5 » supérieure à la ligne de seuil déterminée => il n'y a pas eu de contamination croisée accidentelle pendant la phase de broyage et d'extraction d'ADN de la série des échantillons analysés ou pendant la préparation du mélange réactionnel, son dépôt et l'ajout des S<sub>ADN</sub>.
- b) Aucun des réplicats de T- (NTC) n'a généré de fluorescence « FAM », « JOE », « ROX » ou « Cy5 » supérieure à la ligne de seuil déterminée => il n'y a pas eu de contamination accidentelle pendant la préparation du mélange réactionnel, son dépôt et l'ajout des S<sub>ADN</sub>.
- c) Les réplicats de T<sub>+LOD</sub> ont chacun généré un niveau de fluorescence « FAM », « JOE », « ROX » ou « Cy5 » supérieur à la ligne de seuil déterminée => les conditions de PCR et la composition du mélange réactionnel de PCR ont permis d'amplifier spécifiquement et avec une performance optimale la séquence cible chez l'espèce d' *Heterobasidion sp.* recherchée.

Dans le cas où une ou plusieurs conditions ne seraient pas respectées, l'analyse n'est pas validée et selon le type d'anomalie observée, tout ou partie de l'analyse est à refaire.

### 9.2 Calculs et expression des résultats

Si la série d'analyse est validée, les résultats peuvent être considérés comme interprétables pour l'ensemble des S<sub>ADN</sub>, donc des prises d'essai et de leur réplicats, testés au cours de la même réaction de PCR.

Pour chacune des réactions de PCR espèce-spécifique, observer le Ct moyen du contrôle T<sub>+LOD</sub>=Ct<sub>LOD</sub>. Les extraits d'ADN testés lors de la réaction validée dont le Ct moyen est inférieur ou égal à Ct<sub>LOD</sub> seront considérés comme positifs à l'espèce recherchée.

Les règles décisionnelles sont résumées dans le tableau ci-dessous qui est utilisable pour chacune des quatre espèces d'*Heterobasidion* recherchées:

**Tableau 5** : PCR *Heterobasidion* sp. (Habi, Hpar, Hann, Hirr) / FungiQuant réalisées sur S<sub>ADN</sub>

Test <i>Heterobasidion</i> sp.		Test FungiQuant		Décision et résultat
Puits 1	Puits 2	Puits 1	Puits 2	
+	+	n.a.	n.a.	Arrêt de l'analyse : <i>Heterobasidion</i> sp. détecté
-	-	+ <sup>1</sup>	+ <sup>1</sup>	Arrêt de l'analyse : <i>Heterobasidion</i> sp. non détecté au seuil de détection de la méthode
-	-	- <sup>2</sup>	- <sup>2</sup>	Refaire la PCR sur S <sub>ADN</sub> diluée 10 fois et suivre le tableau 6 pour les règles décisionnelles
+	-	+	-	Refaire la PCR, si de nouveau un seul puits sur les deux génère une valeur positive, des analyses complémentaires <sup>3</sup> devront être entreprises par le LNR

**Tableau 6** : PCR *Heterobasidion* sp. (Habi, Hpar, Hann, Hirr) / FungiQuant réalisées sur S<sub>ADN</sub> diluée au 1/10e

Test <i>Heterobasidion</i> sp.		Test FungiQuant		Décision et résultat
Puits 1	Puits 2	Puits 1	Puits 2	
+	+	n.a.	n.a.	Arrêt de l'analyse : <i>Heterobasidion</i> sp. détecté
-	-	+ <sup>1</sup>	+ <sup>1</sup>	Arrêt de l'analyse : <i>Heterobasidion</i> sp. non détecté au seuil de détection de la méthode
-	-	- <sup>2</sup>	- <sup>2</sup>	Arrêt de l'analyse : résultat indéterminé <sup>4</sup>
+	-	+	-	Refaire la PCR, si de nouveau un seul puits sur les deux génère une valeur positive, des analyses complémentaires <sup>3</sup> devront être entreprises par le LNR

<sup>1</sup> Valeur moyenne de Ct 18S Uni échantillon inférieure ou égale au Ct<sub>seuil</sub> 18S Uni déterminé au laboratoire

<sup>2</sup> Valeur moyenne de Ct 18S Uni échantillon supérieure au Ct<sub>seuil</sub> 18S Uni déterminé au laboratoire

<sup>3</sup> Les analyses complémentaires peuvent par exemple consister en une analyse par PCR temps réel ou conventionnelle ciblant des marqueurs différents, ou par une analyse par barcoding des amplicons obtenus.

<sup>4</sup> Si possible, doser la quantité d'ADN afin de mentionner la cause de l'indétermination (présence de composés inhibiteurs ou quantité d'ADN extrait insuffisante).

## 10. Caractéristiques de performance de la méthode

La synthèse des caractéristiques de performance extraite du dossier de validation établi par le LNR « Autres champignons sur toutes matrices » sous la référence MIAM 014 est présentée dans le tableau 7.

**Tableau 7** : synthèse des caractéristiques de performance

Critère de performance	Résultats obtenus
<b>Caractéristiques de la réaction de PCR en temps réel</b>	Les valeurs R2 pour <i>H. abietinum</i> , <i>H. annosum</i> s.s., <i>H. irregulare</i> et <i>H. parviporum</i> étaient toutes de 0,99, tandis que l'efficacité de la PCR (% E) calculée à partir de la pente variait entre 94,0 % et 100,1 %.
<b>Sensibilité analytique</b>	La sensibilité analytique a été estimée à 112, 112, 88 et 82 copies plasmidiques d'ADN cible pour respectivement <i>H. abietinum</i> , <i>H. annosum</i> s.s., <i>H. irregulare</i> et <i>H. parviporum</i> .
<b>Spécificité analytique</b>	La spécificité des tests a été vérifiée avec un large panel d'ADN provenant d'espèces cibles et non cibles, et des résultats similaires ont été obtenus avec des tests PCR en temps réel réalisés en multiplex et en simplex (cf loos et al. (2019)).  Les tests ciblant <i>H. annosum</i> s.s., <i>H. irregulare</i> et <i>H. parviporum</i> ont donné des résultats positifs avec l'ADN de toutes les souches cibles incluses dans l'étude (respectivement 33, 14 et 29 souches testées), confirmant ainsi leur inclusivité et leur spécificité.
<b>Inclusivité</b>	Cf spécificité analytique
<b>Répétabilité et reproductibilité</b>	

**Table 3** Repeatability (variability of  $C_t$  values within a single run) and reproducibility (variability of  $C_t$  values between different runs) for the *Heterobasidion* real-time assays in duplex for *H. abietinum*/*H. annosum* s.s. and in triplex for *H. irregulare*/*H. parviporum*/FungiQuant

Target	Concentration of DNA included in each reaction	Intra-assay		Inter-assay	
		Mean $C_t \pm SD^a$	CV (%)	Mean $C_t \pm SD$	CV (%)
<i>H. abietinum</i>	1 ng $\mu L^{-1}$ gDNA <sup>b</sup>	31.5 $\pm$ 0.4	0.5	31.7 $\pm$ 1.1	3.5
	100 $\times$ LOD <sup>c</sup>	28.3 $\pm$ 0.1	0.1	28.4 $\pm$ 0.5	1.7
	10 $\times$ LOD	30.5 $\pm$ 0.2	0.3	32.1 $\pm$ 0.9	2.8
<i>H. annosum</i>	1 ng $\mu L^{-1}$ gDNA <sup>d</sup>	22.9 $\pm$ 0.5	2.8	22.5 $\pm$ 0.7	3.1
	100 $\times$ LOD	25.4 $\pm$ 0.2	2.0	25.8 $\pm$ 0.4	1.7
	10 $\times$ LOD	29.7 $\pm$ 0.5	2.2	29.2 $\pm$ 0.8	2.7
<i>H. irregulare</i>	1 ng $\mu L^{-1}$ gDNA <sup>e</sup>	19.9 $\pm$ 0.6	3.2	19.5 $\pm$ 0.1	0.3
	100 $\times$ LOD	23.2 $\pm$ 0.4	1.6	22.6 $\pm$ 0.3	1.2
	10 $\times$ LOD	25.9 $\pm$ 0.3	1.2	25.4 $\pm$ 0.8	3.2
<i>H. parviporum</i>	1 ng $\mu L^{-1}$ gDNA <sup>f</sup>	17.7 $\pm$ 0.3	1.5	17.7 $\pm$ 0.2	1.1
	100 $\times$ LOD	21.1 $\pm$ 0.2	1.2	21.0 $\pm$ 0.5	2.6
	10 $\times$ LOD	24.4 $\pm$ 0.1	0.4	24.2 $\pm$ 0.1	0.5

<sup>a</sup>The mean  $C_t$  value and standard deviation were calculated with 10 replicates.

<sup>b</sup>*H. abietinum* 17/058. Increased  $C_t$  values were observed for this strain, probably due to degradation of DNA over time.

<sup>c</sup>LOD (limit of detection) corresponds to 112, 112, 88 and 82 of plasmid copies  $\mu L^{-1}$  for *H. abietinum*, *H. annosum*, *H. irregulare* and *H. parviporum*, respectively.

<sup>d</sup>*H. annosum* s.s. LSVM1138.

<sup>e</sup>*H. irregulare* 38NA.

<sup>f</sup>*H. parviporum* LSVM1155.

*Extrait de loos et al. (2019)*

La répétabilité et reproductibilité qualitative des tests sont à 100%

## Robustesse

Le tableau ci-dessous présente les résultats de robustesse de la sensibilité à une concentration proche de la limite de détection (variation de volume réactionnel et du volume d'ADN matrice)

La robustesse qualitative des tests est à 100%

**Supplementary Table 2: Evaluation of robustness of the *Heterobasidion* real-time assays using mean  $C_t$  values.**

Target	Concentration	DNA template volume <sup>a</sup>			Reaction volume <sup>a</sup>			Hybridization temperature <sup>a</sup>		
		1.8 $\mu L$	2 $\mu L$	2.2 $\mu L$	18 $\mu L$	20 $\mu L$	22 $\mu L$	63°C	65°C	67°C
<i>H. abietinum</i>	100 $\times$ LOD	29.9 <sup>a</sup>	27.7 <sup>a</sup>	25.6 <sup>a</sup>	27.9 <sup>a</sup>	28.2 <sup>a</sup>	27.8 <sup>a</sup>	28.4 <sup>c</sup>	27.0 <sup>b</sup>	29.2 <sup>d</sup>
	10 $\times$ LOD	29.4 <sup>a</sup>	30.4 <sup>ab</sup>	32.1 <sup>cd</sup>	32.0 <sup>cd</sup>	32.1 <sup>cd</sup>	32.9 <sup>d</sup>	31.1 <sup>bc</sup>	30.1 <sup>ab</sup>	32.9 <sup>d</sup>
	1 ng $\mu L^{-1}$ gDNA <sup>e</sup>	30.4 <sup>ab</sup>	31.6 <sup>c</sup>	30.1 <sup>a</sup>	31.1 <sup>bc</sup>	31.1 <sup>bc</sup>	30.8 <sup>ac</sup>	30.0 <sup>a</sup>	30.2 <sup>a</sup>	33.4 <sup>d</sup>
<i>H. annosum</i> s.s.	100 $\times$ LOD	24.7 <sup>bc</sup>	22.4 <sup>a</sup>	24.2 <sup>b</sup>	24.9 <sup>bd</sup>	25.2 <sup>cd</sup>	26.0 <sup>e</sup>	25.1 <sup>cd</sup>	25.5 <sup>d</sup>	28.3 <sup>f</sup>
	10 $\times$ LOD	26.2 <sup>a</sup>	29.1 <sup>de</sup>	26.8 <sup>ab</sup>	29.7 <sup>a</sup>	29.2 <sup>de</sup>	29.9 <sup>a</sup>	27.8 <sup>bc</sup>	28.3 <sup>cd</sup>	30.8 <sup>f</sup>
	1 ng $\mu L^{-1}$ gDNA <sup>d</sup>	22.3 <sup>c</sup>	21.8 <sup>a</sup>	23.3 <sup>d</sup>	22.3 <sup>c</sup>	22.2 <sup>a</sup>	22.5 <sup>c</sup>	21.1 <sup>a</sup>	22.2 <sup>c</sup>	25.7 <sup>e</sup>
<i>H. irregulare</i>	100 $\times$ LOD	22.5 <sup>bc</sup>	22.5 <sup>bc</sup>	22.1 <sup>a</sup>	23.0 <sup>d</sup>	22.6 <sup>c</sup>	23.8 <sup>a</sup>	22.1 <sup>ab</sup>	22.5 <sup>bc</sup>	22.7 <sup>bc</sup>
	10 $\times$ LOD	25.3 <sup>b</sup>	25.4 <sup>b</sup>	25.2 <sup>b</sup>	24.6 <sup>a</sup>	24.6 <sup>a</sup>	24.8 <sup>a</sup>	25.4 <sup>b</sup>	25.2 <sup>b</sup>	25.5 <sup>b</sup>
	1 ng $\mu L^{-1}$ gDNA <sup>a</sup>	19.8 <sup>cd</sup>	20.4 <sup>a</sup>	19.7 <sup>cd</sup>	19.3 <sup>abc</sup>	19.0 <sup>a</sup>	19.6 <sup>cd</sup>	19.1 <sup>ab</sup>	19.0 <sup>ab</sup>	20.0 <sup>de</sup>
<i>H. parviporum</i>	100 $\times$ LOD	23.1 <sup>c</sup>	21.8 <sup>a</sup>	20.7 <sup>b</sup>	21.4 <sup>d</sup>	21.5 <sup>d</sup>	21.7 <sup>a</sup>	20.2 <sup>a</sup>	20.3 <sup>a</sup>	20.7 <sup>b</sup>
	10 $\times$ LOD	24.9 <sup>a</sup>	24.9 <sup>a</sup>	24.6 <sup>d</sup>	24.4 <sup>c</sup>	24.6 <sup>cd</sup>	24.5 <sup>d</sup>	23.4 <sup>a</sup>	23.9 <sup>b</sup>	23.8 <sup>b</sup>
	1 ng $\mu L^{-1}$ gDNA <sup>f</sup>	19.2 <sup>f</sup>	19.9 <sup>b</sup>	18.8 <sup>a</sup>	17.4 <sup>de</sup>	17.5 <sup>bc</sup>	17.8 <sup>de</sup>	17.4 <sup>ab</sup>	17.3 <sup>a</sup>	17.6 <sup>cd</sup>

<sup>a</sup> Mean values followed by the same letter on the same line are not significantly different according to Tukey's test ( $p > 0.01$ )

<sup>b</sup> LOD (Limit Of Detection) corresponds to 112, 112, 82 and 88 of pc per PCR reaction for *H. abietinum*, *H. annosum* s.s., *H. irregulare*, and *H. parviporum*, respectively.

<sup>c</sup> *H. abietinum* strain 17/058

<sup>d</sup> *H. annosum* s.s. strain LSVM1138

<sup>e</sup> *H. irregulare* strain 38NA

<sup>f</sup> *H. parviporum* strain LSVM1155

*Extrait de loos et al. (2019)*

## Sensibilité relative

Ces critères n'ont pas été évalués de façon expérimentale par le laboratoire.

## Spécificité relative

<b>Exactitude relative</b>	
<b>Autres critères :</b>	Non évalué
<b>Autres critères : <i>Durée d'analyse</i></b>	Durée de la nouvelle méthode : 1 journée

## Bibliographie

- Beltran, A. & R. loos. 2025. FOMES 2025: Amélioration de la détection et du suivi des mortalités associées aux *Heterobasidion* spp. et *Coniferiporia sulphurascens* en forêt de résineux. ed. DSF, 17. Rapport Technique de projet.
- loos, R., P. Chrétien, J. Perrault, C. Jeandel, C. Dutech, P. Gonthier, F. Sillo, A. M. Hietala, H. Solheim & J. Hubert (2019) Multiplex real-time PCR assays for the detection and identification of *Heterobasidion* species attacking conifers in Europe. *Plant Pathology*, 68, 1493-1507.
- Liu, C. M., S. Kachur, M. G. Dwan, A. G. Abraham, M. Aziz, P.-R. Hsueh, Y.-T. Huang, J. D. Busch, L. J. Lamit, C. A. Gehring, P. Keim & L. B. Price (2012) FungiQuant: A broad-coverage fungal quantitative real-time PCR assay. *BMC Microbiology*, 12, 255.