



Communiqué de presse – 23 février 2015

Aux racines des symbioses mycorhiziennes

Un consortium international, coordonné par une équipe du centre Inra de Nancy-Lorraine et impliquant le Joint Genome Institute (JGI), la Clark University, le CNRS, et les universités de Lorraine et de Aix-Marseille publie dans *Nature Genetics* le 23 février 2015 le séquençage de 13 nouveaux génomes de champignons symbiotiques mycorhiziens. Par son ampleur, cette avancée a permis de reconstruire l'histoire évolutive de ces champignons associés aux plantes depuis leur origine et d'identifier les mécanismes clés de la symbiose. Les champignons étudiés l'ont été pour leur importance économique (bolet, pisolithe) ou culturelle (amanite tue-mouche).

L'objectif de l'étude de génomique comparative publiée dans *Nature Genetics* et conduite par le consortium Mycorrhizal Genomics Initiative, coordonné par l'Inra, visait à identifier les processus évolutifs qui ont conduit à l'apparition des champignons mycorhiziens dans toutes les forêts du globe il y a plus de 200 millions d'années. Pour cela, les chercheurs ont séquencé et analysé 13 nouveaux génomes de symbiotes mycorhiziens dont ceux de l'amanite tue-mouche, du bolet jaune et du paxille enroulé. Ils les ont comparés aux génomes des champignons mycorhiziens déjà séquencés, *Laccaria bicolor*¹, la Truffe noire du Périgord² et le champignon à arbuscules, *Rhizophagus irregularis*³, ainsi qu'à 33 génomes de champignons décomposeurs. Les chercheurs ont caractérisé l'arsenal de dégradation enzymatique de ces champignons et en particulier les différentes familles de gènes impliqués dans la dégradation du composant majeur du bois, la lignocellulose.

Cette analyse phylogénomique met en évidence une forte corrélation entre le répertoire de gènes impliqués dans la décomposition de la lignocellulose (cellulases, ligninases) et les styles de vie (pourriture blanche, pourriture brune ou symbiote mycorhizien). Elle révèle également que la symbiose mycorhizienne est apparue indépendamment dans toutes les lignées principales des champignons par convergence évolutive soulignant ainsi son succès évolutif.

Sur la base de ces travaux originaux, les chercheurs proposent un scénario expliquant l'évolution des principaux groupes de champignons forestiers au cours des dernières 300 millions d'années. Les premiers champignons xylophages auraient été des agents de la pourriture blanche équipés d'un arsenal important d'enzymes de dégradation de la lignine et de la cellulose⁴. Ces espèces ancestrales auraient ensuite évolué vers les agents de la

¹ <http://presse.inra.fr/Ressources/Communiques-de-presse/Symbiose-sous-influence>

² <http://presse.inra.fr/Ressources/Communiques-de-presse/decryptage-genome-truffe-noire-perigord-avancee-majeure-dans-la-comprehension-biologie-du-champignon>

³ <http://presse.inra.fr/Ressources/Communiques-de-presse/Le-plus-celebre-champignon-symbiotique-livre-ses-secrets>

⁴ <http://presse.inra.fr/Ressources/Communiques-de-presse/champignon-prehistorique>

pourriture brune capables de dépolymériser la lignine par des réactions chimiques d'oxydo-réduction et de consommer ensuite la cellulose. Enfin, des pourritures blanches ou brunes auraient établi des mécanismes de communication afin de dialoguer avec les racines des arbres et établir ainsi des relations symbiotiques avec elles. Ces nouvelles espèces mutualistes auraient ainsi été capables d'utiliser les sucres simples de leur hôte et se seraient débarrassé de leur coûteux arsenal de dégradation enzymatique par érosion génomique. Outre la réduction massive des enzymes de dégradation de la paroi végétale, il apparaît que la capacité à former une symbiose mycorhizienne impose également l'invention de protéines de communication capables de contrôler les défenses immunitaires de la plante, condition indispensable à la colonisation massive de la racine.

Ces travaux apportent un éclairage nouveau sur l'histoire évolutive de deux guildes majeures de champignons forestiers, les décomposeurs et les symbiotes mutualistes. Ils mettent également en évidence la relation forte entre la composition de l'arsenal enzymatique de dégradation et la niche écologique des champignons forestiers. Enfin, les ressources génomiques générées par ce programme faciliteront les études fonctionnelles sur l'impact des changements globaux sur les services écosystémiques assurés par ces champignons du sol.

Une grande diversité de champignons et de fonctions

Les champignons poussent directement sur leur nourriture et, au cours de l'Évolution, ils se sont spécialisés afin d'utiliser toutes les sources de carbone (sucres, acides aminés) disponibles dans leur environnement. De ce fait, ils occupent pratiquement tous les types d'écosystèmes terrestres et toutes les niches écologiques. Leur abondance et leur diversité sont particulièrement grandes dans les écosystèmes forestiers où ils vivent dans le sol, sur l'humus et dans pratiquement tous les organes des arbres.

Au sein de cette multitude, on distingue trois grands groupes fonctionnels de champignons correspondant à différentes stratégies d'acquisition du carbone : les décomposeurs (ou saprophytes), les parasites (ou pathogènes) et les symbiotes (ou mutualistes). Les champignons saprotrophes (par exemple les agents de la pourriture blanche ou brune) utilisent les éléments nutritifs (carbone et azote) de la matière organique en décomposition provenant des plantes, des animaux et des autres champignons. Les champignons mycorhiziens, dont les bolets et les amanites, sont des symbiotes mutualistes qui forment une guilda de prospecteurs, de mineurs et de marchands. Leurs réseaux souterrains explorent le sol et la litière à la recherche d'éléments minéraux qu'ils transportent et transfèrent à leur plante-hôte. Ils s'alimentent en sucres simples auprès de leur hôte, mais lui sont bénéfiques, souvent même nécessaires à son développement complet et à sa survie. La dégradation de la lignocellulose par les champignons xylophages et l'interaction symbiotique entre arbres et champignons mycorhiziens sont des mécanismes majeurs du cycle du carbone dans les écosystèmes forestiers.

Référence

Annegret Kohler, Alan Kuo, Laszlo G Nagy, Emmanuelle Morin, Kerrie W Barry, Francois Buscot, Björn Canbäck, Cindy Choi, Nicolas Cichocki, Alicia Clum, Jan Colpaert, Alex Copeland, Mauricio D Costa, Jeanne Doré, Dimitrios Floudas, Gilles Gay, Mariangela Girlanda, Bernard Henrissat, Sylvie Herrmann, Jaqueline Hess, Nils Högborg, Tomas

Johansson, Hassine-Radhouane Khouja, Kurt LaButti, Urs Lahrmann, Anthony Levasseur, Erika A Lindquist, Anna Lipzen, Roland Marmeisse, Elena Martino, Claude Murat, Chew Y Ngan, Uwe Nehls, Jonathan M Plett, Anne Pringle, Robin A Ohm, Silvia Perotto, Robert Riley, Francois Rineau, Joske Ruytinx, Asaf Salamov, Firoz Shah, Hui Sun, Mika Tarkka, Andrew Tritt, Claire Veneault-Fourrey, Alga Zuccaro, Mycorrhizal Genomics Initiative Consortium, Anders Tunlid, Igor V Grigoriev, David S Hibbett & Francis Martin. **Convergent losses of decay mechanisms and rapid turnover of symbiosis genes in mycorrhizal mutualists.** *Nature Genetics*, en ligne le 23 février 2015. doi:10.1038/ng.3223

Contacts scientifiques

Francis MARTIN

03 83 39 40 80 - fmartin@nancy.inra.fr

Annegret KOHLER

Annegret.Kohler@nancy.inra.fr

UMR Interactions Arbres/Micro-organismes <http://mycor.nancy.inra.fr/IAM/>

Département scientifique « Ecologie des forêts, Prairies et Milieux Aquatiques »

Centre Inra de Nancy-Lorraine

Contact presse

Inra Service de presse

presse@inra.fr - 01 42 75 91 86