



HAL
open science

Du nouveau dans le groupe *Pseudomonas syringae*: un cadre général de classification et des outils simples et rapides d'identification

Odile Berge, Claudia Bartoli, Caroline Guilbaud, Charlotte Chandeysson, Cindy E. Morris, Benoit Borschinger

► To cite this version:

Odile Berge, Claudia Bartoli, Caroline Guilbaud, Charlotte Chandeysson, Cindy E. Morris, et al.. Du nouveau dans le groupe *Pseudomonas syringae*: un cadre général de classification et des outils simples et rapides d'identification. 1. Colloque R-Syst / Muséum national d'histoire naturelle, Oct 2015, Versailles, France. hal-02740515

HAL Id: hal-02740515

<https://hal.inrae.fr/hal-02740515v1>

Submitted on 2 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Du nouveau dans le groupe *Pseudomonas syringae* : un cadre général de classification et des outils simples et rapides d'identification

Présentation orale

Session 3 - Assigination, diagnostic, bioindication

Odile Berge¹, Claudia Bartoli², Caroline Guilbaud¹, Charlotte Chandeysson¹, Cindy E. Morris¹, Benoit Borschinger¹,

¹ INRA - UR0407 Pathologie Végétale, allée des Chênes, CS 60094, FR-84143 Montfavet, France,

² INRA - UMR441 LIPM, FR-31326 Castanet-Tolosan, France

Résumé

L'écologie des pathogènes est centrale pour comprendre leur évolution et l'émergence des maladies. Un prérequis indispensable est une classification du pathogène intégrant toute la diversité et délimitant clairement les frontières. *Pseudomonas syringae* est un modèle de pathogène-environnemental remarquable. Nous avons isolé cette bactérie phytopathogène bien au-delà des zones de culture, dans de nombreux substrats sur plusieurs continents constituant une collection unique au monde (>7000 souches). Les hybridations ADN/ADN et le séquençage de génomes trop lourds, les phénotypes peu fiables, et le concept de pathovar inopérant, nous ont conduits à rénover la classification en utilisant le typage MLST qui délimite actuellement 24 clades au sein de 14 phylogroupes. La robustesse du résultat est confirmée par les données de génomique. A partir de ces données, nous proposons un système de classification extensible à d'éventuels nouveaux groupes, reposant sur une base de données conséquente et un outil simple d'identification par analyse d'un seul gène de ménage (Berge *et al.* 2014). Grâce à la génomique comparative, nous avons développé des PCR spécifiques permettant l'identification au groupe *P. syringae* (Guilbaud *et al.*) et aux phylogroupes (Borschinger *et al.*) pour un crible moyen-débit de *P. syringae* permettant d'établir la structure des populations sur de nombreux échantillons.

Références bibliographiques

Berge, O., C. L. Monteil, C. Bartoli, C. Chandeysson, C. Guilbaud, D.C. Sands, & C.E. Morris, 2014. A user_guide to a data base of the diversity of *Pseudomonas syringae* and its application to classifying strains in this phylogenetic complex Plos One. DOI: 10.1371/journal.pone.0105547. Borschinger, B., C. Bartoli, C. Chandeysson, C. Guilbaud, L. Parisi, J.F. Bourgeay, E. Buisson & C.E. Morris, A set of PCRs for rapid identification and characterization of *Pseudomonas syringae* phylogroups Soumis (04-sept-2015) à Journal of Applied Microbiology.

Guilbaud C., C.E. Morris, M. Barakat, P. Ortet, O. Berge, Access to the diversity of *Pseudomonas syringae* populations facilitated by a PCR-based method of identification targeting the whole species complex. Accepté (17-aug-2015) dans FEMS Microbiology Ecology.

Mots-clés

Phylogeny; data base; classification tool; *Pseudomonas syringae*; specific PCR

Taxonomie intégrative :

De la génomique aux collections

2015