HAL
open science

Mise à jour de la classification du groupe Pseudomonas syringae et des outils simples et rapides d'identification

Charlotte Chandeysson, Odile Berge, Claudia Bartoli, Benoit Borschinger, Caroline Guilbaud, Catherine Glaux, Caroline Monteil, David C. Sands, Cindy E. Morris

To cite this version:

Charlotte Chandeysson, Odile Berge, Claudia Bartoli, Benoit Borschinger, Caroline Guilbaud, et al.. Mise à jour de la classification du groupe Pseudomonas syringae et des outils simples et rapides d'identification. 12. Rencontres Plantes-Bactéries, Jan 2016, Aussois, France. , 1 p., 2016, 12ièmes Rencontres Plantes-Bactéries, 11-15 janvier 2016, Centre Paul Langevin 75300 Aussois. hal-02742317

HAL Id: hal-02742317

https://hal.inrae.fr/hal-02742317v1

Submitted on 3 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.

Mise à jour de la classification du groupe *Pseudomonas syringae* et des outils simples et rapides d'identification

C.Chandeysson[1], O. Berge[1], C. Bartoli[1], B. Borshinger[1,2], C. Guilbaud[1], C. Glaux[1], C. Monteil[1], D.C. Sands[3], C.E. Morris[1, 3].

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

2 IMBE, Université d'Avignon et des Pays de Vaucluse, UMR CNRS IRD Aix Marseille Université, Site Agroparc BP 61207, 84911 Avignon, France

3 Department of Plant Sciences and Plant Pathology, Montana State University, Bozeman, Montana, United States of America

charlotte.chandeysson@avignon.inra.fr

Résumé

Pseudomonas syringae est agent phytopathogène-environnemental reconnu comme modèle remarquable. Nous avons isolé cette bactérie phytopathogène bien au-delà des zones d'agriculture, dans de nombreux substrats sur plusieurs continents constituant une collection unique au monde (>7000 souches). Une classification de cette bactérie intégrant toute la diversité et délimitant clairement les frontières est nécessaire. Les hybridations ADN/ADN et le séquençage de génomes trop lourds, les phénotypes peu fiables, et le concept de pathovar inopérant, nous conduisent à utiliser le typage MLST pour cette classification qui délimite actuellement 24 clades au sein d'au moins 14 phylogroupes. La robustesse du résultat est confirmée par les données de génomique. Pour chaque phylogroupe, les phénotypes reliés au pouvoir pathogène ont été caractérisés.

A partir de ces données génotypiques et phénotypiques, les spécificités des phylogroupes ont été déterminées et un système de classification extensible à d'éventuels nouveaux groupes a été proposé. Un outil simple d'identification par analyse d'un seul gène de ménage est proposé (Berge et al. 2014). Grâce à la génomique comparative, nous avons développé des PCR spécifiques permettant l'identification au groupe *P. syringae* entier (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.

Cette classification nous permet d'aborder des questions sur l'écologie des agents phytopathogènes et leur stratégie d'adaptation dans différents environnements.

Références

Berge, O., Monteil, C.L., Bartoli, C., Chandeysson, C., Guilbaud, C., Sands, D.C. and Morris, C.E. (2014) A user's guide to a data base of the diversity of *Pseudomonas syringae* and its application to classifying strains in this phylogenetic complex. PloS one 9, e105547.

Borschinger, B., Bartoli, C., Chandeysson, C., Guilbaud, C., Parisi, L., Bourgeay, J.F., Buisson, E., Morris, C.E. (submitted) A set of PCRs for rapid identification and characterization of *Pseudomonas syringae* phylogroups. 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.