



Évolution du pouvoir pathogène d'une bactérie phytopathogène en dehors des zones agricoles. Impact des biofilms aquatiques sur la structure des populations de *Pseudomonas syringae*

Odile Berge, Caroline Monteil, Catherine Glaux, Caroline Guilbaud, Christel
Leyronas, Moudjahidou Demba Diallo, Frédéric Rimet, Cindy E. Morris

► To cite this version:

Odile Berge, Caroline Monteil, Catherine Glaux, Caroline Guilbaud, Christel Leyronas, et al.. Évolution du pouvoir pathogène d'une bactérie phytopathogène en dehors des zones agricoles. Impact des biofilms aquatiques sur la structure des populations de *Pseudomonas syringae*. Colloque national d'écologie scientifique, Sep 2010, Montpellier, France. hal-02757720

HAL Id: hal-02757720

<https://hal.inrae.fr/hal-02757720>

Submitted on 4 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.

Session 02 : Adaptation des bio-agresseurs de plantes à leur environnement biotique et abiotique

P02 /01 Titre : L'acquisition de nutriment, un nouveau rôle pour les récepteurs dépendants de TonB chez les bactéries phytopathogènes, aquatiques et symbiotiques de l'homme.

Matthieu Arlat - Guillaume Dejean - Alice Boulanger - Martine Lautier - Servane Blanvillain-Baufumé - Claudine Zischek - Pauline Rival - Nicolas Hollebeck - Laurent Noël - Emmanuelle Lauber

Xanthomonas campestris pathovar *campestris* (XCC) est une bactérie Gram négative phytopathogène, infectant les crucifères. L'analyse du génome de 3 souches de XCC a révélé une surreprésentation des récepteurs de la membrane externe appartenant à la famille des transporteurs dépendants de TonB (TBDTs). Jusqu'à présent, les TBDTs étaient surtout connus pour leur rôle dans le transport des complexes fer/sidérophore chez les bactéries Gram négatives. Toutefois, une analyse contextuelle du génome de XCC couplée avec des études fonctionnelles ont révélé un nouveau rôle pour certains TBDTs. En effet, nous avons établi qu'ils participent au transport de plusieurs molécules d'origine végétale et qu'ils appartiennent à des systèmes impliqués dans l'utilisation de ces molécules. Ces systèmes, appelés systèmes CUT, pour Carbohydrate Utilization systems with TBDTs, renferment, outre les TBDTs, des gènes codant des enzymes actives sur les hydrates de carbone, des transporteurs de la membrane interne et des régulateurs. Nous avons ainsi caractérisé 4 systèmes CUTs impliqués dans l'utilisation du saccharose, des pectines, du xylane ou des parties glycanes des glycoprotéines végétales chez XCC. L'une des particularités de ces systèmes réside dans le fait que les molécules transportées sont complexes et que leur transport se fait avec une très grande affinité. Ces systèmes CUT sont actifs in planta et permettent l'accomplissement du cycle infectieux. Des études de génomique comparative ont révélé que ces 4 systèmes CUTs sont uniques au genre *Xanthomonas* et qu'ils ne sont pas présents chez des bactéries non phytopathogènes proches sur le plan taxonomique. Il semble donc que ces systèmes CUT soient spécifiques de l'association des *Xanthomonas* avec les plantes et représentent donc un facteur d'adaptation de ces bactéries. Nos études ont aussi permis de répertorier de nombreuses espèces bactériennes montrant une surreprésentation des TBDTs. Plusieurs loci de type CUT ont pu être identifiés chez ces bactéries provenant d'environnement très diverses tels que des milieux aquatiques, (*Caulobacter crescentus* ; *Pseudoaeromonas tunicata*); des plantes en décomposition (*Saccharophagus degradans* ; *Cellvibrio japonicum*) ou bien encore l'intestin humain (*Bacteroides*). Toutes ces bactéries possèdent en commun la particularité de pouvoir exploiter des macromolécules d'origine végétale ou animale. L'ensemble de ces données semble donc souligner l'importance du rôle joué par les TBDTs dans l'acquisition des nutriments par les bactéries dans des environnements très diverse. Cette fonction insoupçonnée des TBDTs semble confirmée par des travaux de métagénomique récents établissant la présence de très nombreux TBDTs dans plusieurs environnements marins ainsi que dans la phyllosphère.

Matthieu Arlat - Castanet Tolosan - arlat@toulouse.inra.fr

P02 /02 Titre : Évolution du pouvoir pathogène d'une bactérie phytopathogène en dehors des zones agricoles. Impact des biofilms aquatiques sur la structure des populations de *Pseudomonas syringae*

Odile Berge - Caroline Monteil - Catherine Glaux - Caroline Guilbaud - Christelle Leyronas - Demba diallo Moudjahidou - Frédéric Rimet - Cindy E. Morris

Les agents pathogènes des plantes sont le plus souvent étudiés exclusivement dans les agrosystèmes sans prendre en compte les niches écologiques situées hors du contexte agricole ou botanique. En santé humaine il est pourtant bien démontré que la survie de pathogènes humains dans l'environnement peut avoir des répercussions sur leur pouvoir pathogène chez l'homme (Cangelosi et al. 2004). Notre laboratoire s'engage résolument dans une nouvelle dimension de la recherche en phytopathologie avec la bactérie modèle *Pseudomonas syringae* (Morris et al 2009). *P. syringae* représente actuellement un des meilleurs modèles d'agent phytopathogène largement dispersé en dehors du contexte agricole et donc une bonne opportunité pour aborder cette démarche. Les données du laboratoire montrent qu'elle est présente tout au long du cycle de l'eau, elle s'élève jusqu'aux nuages, retombe sur terre avec les précipitations, pluie ou neige, et établit des populations dans les rivières, leur biofilms épilithes et les plantes sauvages avoisinantes (Morris et al 2008). Le pouvoir glaçogène de certaines souches est suspecté de jouer un rôle dans le déclenchement des précipitations dans les nuages (Morris et al 2004) participant ainsi à l'équilibre écologique global de la planète. Cette découverte impose d'élargir les champs d'investigation concernant ces agents au-delà des agrosystèmes ce qui représente en phytopathologie, un nouveau paradigme proposé récemment par Morris et al (2009). Un projet pionnier sur la diversification d'agents phytopathogènes en milieu naturel est ainsi développé au laboratoire. Cette démarche est illustrée ici par l'étude d'un compartiment particulier, les biofilms épilithes qui tapissent le lit des rivières et représentent un habitat important tant par leur étendue que par leur nature puisqu'ils sont le siège d'une vie microbienne intense et spécifique. *P. syringae* a été détectée dans 50 % des biofilms épilithes dans plusieurs rivières françaises et américaines (Morris et al 2007) et les souches sont identiques pour leur pouvoir pathogène à celles isolées de plantes cultivées (Morris et al. 2008). Nous recherchons le rôle des micro-algues, composante biotique principale en biomasse dans la structuration des populations de *P. syringae* et en particulier la sélection de traits relatifs au pouvoir phytopathogène. Cangelosi et al. 2004. A report of the American Academy of Microbiology, Washington, DC (USA), <http://www.asm.org/ASM/files/ccLibraryFiles/FILENAME/000000001402/EnvironMicroBW.pdf>, 18 p. Morris et al 2004. J Phys IV France 121:87-103. Morris et al 2007. Infect Genet Evol 7, 84-92. Morris et al 2008. The ISME Journal 2:321-334. Morris et al 2009. PLoS Pathog. 5(12)

Odile Berge - INRA-PACA, UR407 Pathologie végétale - Avignon - odile.berge@avignon.inra.fr