



Presence and sequence similarity of symbiosis-upregulated genes from Laccaria bicolor in 55 genomes of saprotrophic (white-rots, brown-rots, soil and litter decayers), mycorrhizal (ECM, ERM, ORM), pathogenic and endophytic fungi.

Exploring Symbiotic genomes and Transcriptomes

Responsable scientifique : Annegret Kohler (UMR 1136 Interactions Arbres/Micro-organismes)

Partenaires Labex : Emmanuelle Morin (IAM), Francis Martin (IAM)

Collaborations : Joint Genome Institute (JGI), Erwin Sentausa (post-doc recruté dans le cadre du projet-50% co-financé Région Lorraine- Exploration des génomes de Champignons symbiotiques forestiers et analyse fonctionnelle par une approche metatranscriptomique).

Contexte —

Les essences forestières sociales des régions boréales et tempérées mobilisent et absorbent l'eau et les éléments nutritifs du sol par l'intermédiaire des champignons symbiotiques qui vivent en association avec les extrémités de leurs racines fines. Les champignons mycorrhiziens connectent les arbres avec le sol, d'autres arbres et microorganismes, mais encore très peu est connu concernant la régulation des gènes (=analyse transcriptomique) derrière ces interactions complexes.

Objectifs —

Notre recherche vise à améliorer les connaissances des fonctions impliquées dans les interactions symbiotiques champignons-arbres par l'analyse bioinformatique des données de génomique et de transcriptomique de 15 génomes de champignons de références qui vivent en symbiose ectomycorhizien, ericoid ou avec des orchidées. L'expression des gènes pendant le développement de la symbiose va être comparé avec l'expression des gènes d'un mycélium sans contact avec l'arbre. Ces analyses vont surtout cibler les voies de signalisation, le métabolisme primaire et de la dégradation.

Démarche —

Analyse transcriptomique et exploitation des données génomiques par le bioinformaticien recruté dans le cadre de ce projet :

- Quantification de l'expression des gènes
- Expression différentielle et analyse des réseaux de co-expression
- Mise en forme des données par des outils de visualisation et analyses statistiques.

Résultats marquants —

- Les transcriptomes symbiotiques de *Amanita muscaria*, *Hebeloma cylindrosporum*, *Paxillus involutus*, *Piloderma croceum* and *Suillus luteus* (ectomycorhizien), *Oidiodendron maius* (mycorhize ericoid) ainsi que *Sebacina vermifera* et *Tulasnella calospora* (mycorhizes avec des orchidées) étaient analysés.
- Entre 1,3 et 6% de gènes sont surexprimés dans les mycorhizes et 0,2-4,9% de gènes réprimés pendant l'interaction.
- Une grande partie de gènes régulés par la symbiose sont des gènes conservés. On retrouve des gènes orthologues dans les génomes des pourritures brunes et blanches, suggérant une utilisation dans les voies métaboliques universels.
- Mais un certain nombre de ces gènes régulés par la symbiose est spécifique, seulement présent dans le génome d'une seule espèce ectomycorhizienne. Par exemple, rien qu'un tiers de gènes orphelins régulés chez *Laccaria bicolor* existent chez *L. amethystina*.
- Des petites protéines sécrétées (PSSs) ont été trouvées surexprimées dans tous les transcriptomes symbiotiques étudiés.

Principales conclusions incluant des points-clés de discussion —

Les gènes régulés pendant les interactions mycorhiziennes sont composés de gènes conservés ainsi que des gènes spécifiques à une espèce. Les fonctions utilisées sont similaires mais les gènes pas orthologues, suggérant une évolution convergente. Des petites protéines sécrétées, utilisées probablement comme des clés moléculaires pour promouvoir la symbiose, ont été trouvées surexprimées dans tous les transcriptomes symbiotiques étudiés jusqu'à présent.

Perspectives —

Les petites protéines sécrétées (PSSs) trouvées surexprimées dans toutes les interactions mycorhiziennes étudiés sont particulièrement intéressantes pour une analyse fonctionnelle afin de comprendre leur rôle précis dans la formation et le fonctionnement de la symbiose mycorhizienne.

Valorisation —

Annegret Kohler, Alan Kuo, Laszlo G Nagy, Emmanuelle Morin *et al.* (2015) Convergent losses of decay mechanisms and rapid turnover of symbiosis genes in mycorrhizal mutualists. **Nature Genetics**. doi:10.1038/ng.3223

Effet levier du projet —

The promising results from the first comparative analysis of a dozen of mycorrhizal genomes and transcriptomes have led to several follow-up projects.

In the frame of the 1000 fungal genome project (<http://1000.fungalgenomes.org/home/>) to date over 80 mycorrhizal genomes (and for some of them transcriptomes) have been sequenced. These data are analyzed and compared to our already published data within an international consortium (PI Francis Martin).

More transcriptomic data have been produced for ERM genomes (in particular *Meliniomyces bicolor* and *Rhizoscyphus ericae*) and allowed the comparison between ERM transcriptomes (Martino et al., *New Phytol* accepted). In addition, candidate MiSSPs identified within the EST project were further characterized within the LABEX project EffectER (PI Elena Martino) and submitted for publication to *Frontiers in Plant Science*.