



L'écogénomique dévoile les secrets de l'alliance ancestrale entre les arbres et les champignons

Francis MARTIN

**Mycorrhizal Genomics Initiative Consortium
Saprotrophic Agaricomycotina Consortium**

**Laboratoire d'Excellence ARBRE
UMR Interactions Arbres/Micro-organismes**

AAF - Récentes avancées en génomique des arbres forestiers

INRA-Paris – 09/02/2016



Forêts

Microbiome

Champignons

Ectomycorhizes

Génomique évolutive

Evolution des traits de vie écologiques

La boîte à outils symbiotique

Dialogue moléculaire

Commerce équitable & Alliance de fortune ?

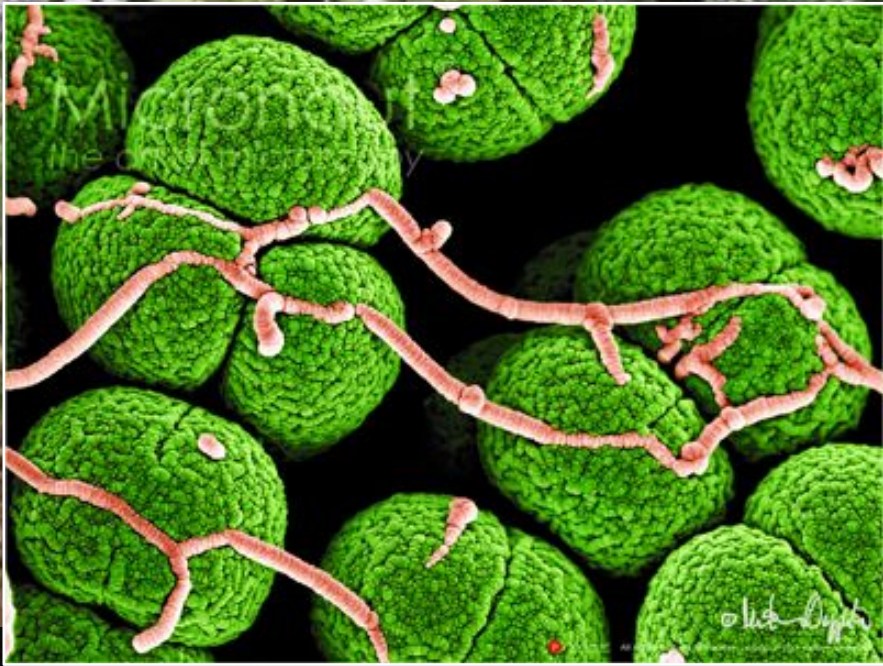
**Plantes & Champignons : une alliance de plus de 400 millions d'années
qui a sculpté l'environnement terrestre**





Francis Martin

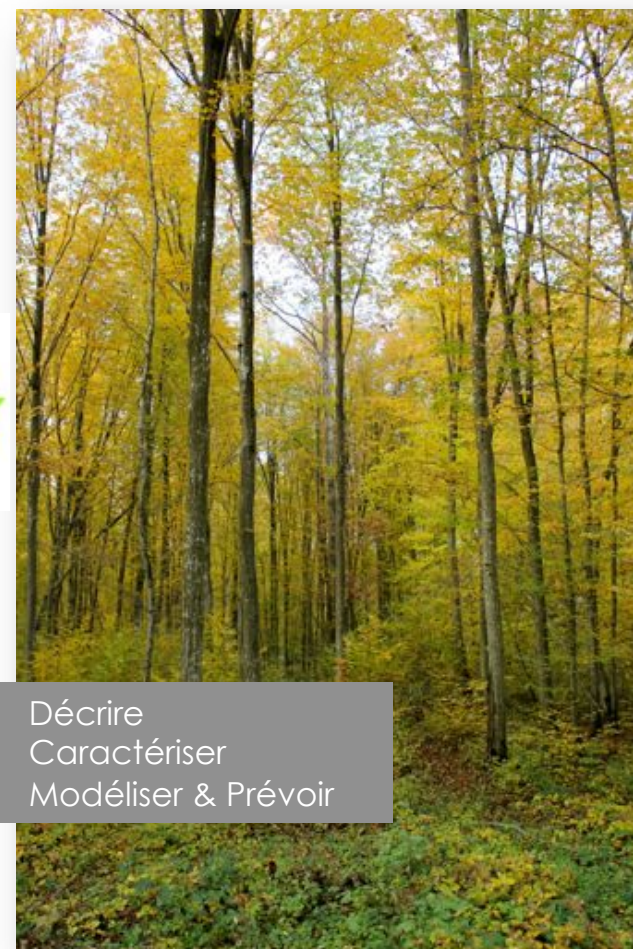
Microbiome ...



Microbiome ...



Exploiter la génomique comparative afin de mieux comprendre les interactions arbres-champignons



1. Décrire
2. Caractériser
3. Modéliser & Prévoir

Les principaux modes de nutrition chez les champignons forestiers



Pourritures blanches

Décomposeurs de la litière

Pourritures brunes

Symbiotes ectomycorhiziens

Pathogènes



La Symbiose Ectomycorhizienne : un kit de survie pour les arbres



Colonisation :
Reconnaissance, signalisation

La symbiose fonctionnelle :
Développement
Coordination métabolique

Effecteurs

Le réseau extérieur :
absorption, décomposition de la MO

La Boîte à outils moléculaires ?

- Une série de compartiments
- Un réseau trophique
- Coordination métabolique
- Interactions Plante-Champignon
- Signaux ?



Caractériser les mécanismes génétiques contrôlant l'évolution, le développement et le fonctionnement de la symbiose ectomycorhizienne

1

Reconstruire la filiation évolutive entre champignons décomposeurs et symbiotiques

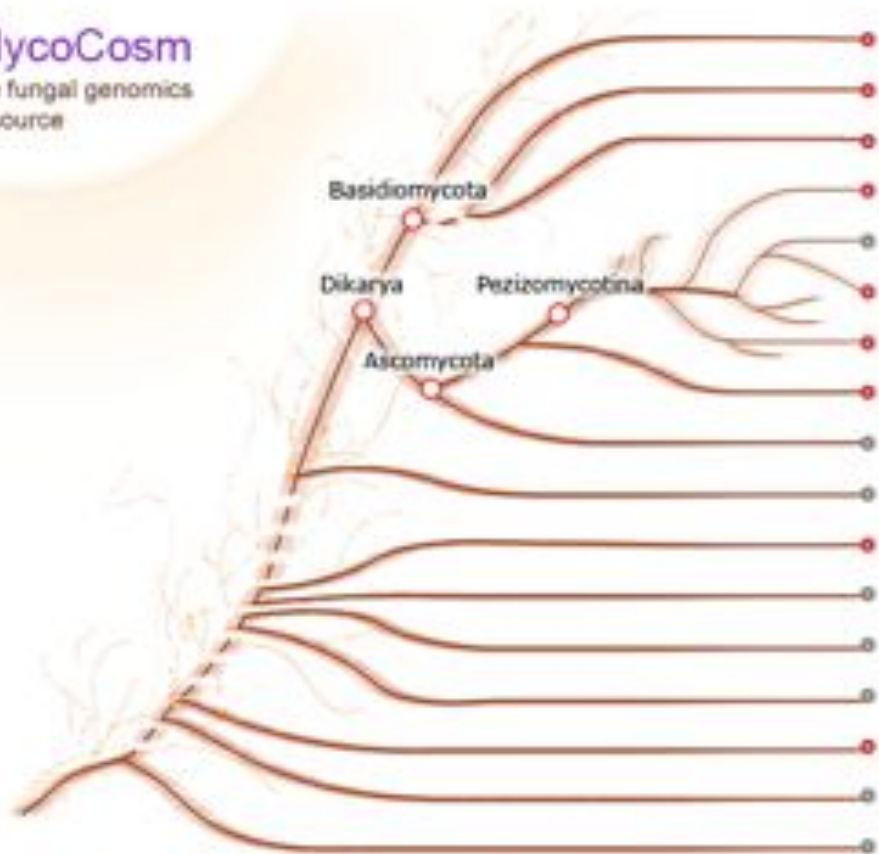
2

Identifier les signaux impliqués dans le dialogue moléculaire symbiotique



Paleogenomics & Evolution

MycoCosm
the fungal genomics
resource



In fine, l'objectif de ce programme est de reconstruire l'évolution des champignons forestiers et d'expliquer leurs traits de vie écologique par l'analyse de leur répertoire de gènes.

Ces travaux sont rendus possibles par la production récente de centaines de génomes de champignons et une combinaison novatrice d'approches alliant phylogénétique, phylogénomique et génomique comparative.

Mycorrhizal Genomics Initiative



Home Workshops Data

JGI CSP 2011: Exploring the Genome Diversity of Mycorrhizal Fungi to Understand the Evolution and Functioning of Symbiosis in Woody Shrubs and Trees

Posted on October 4, 2012

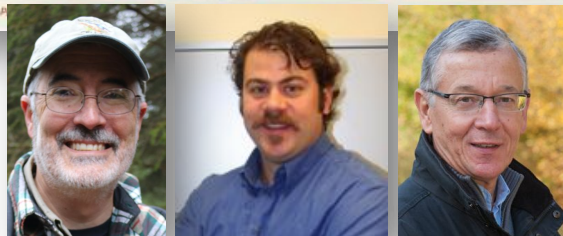
PI's: F. Martin (INRA-Nancy), D. Hibbett (Clark University) & I. Grigoriev (DOE)



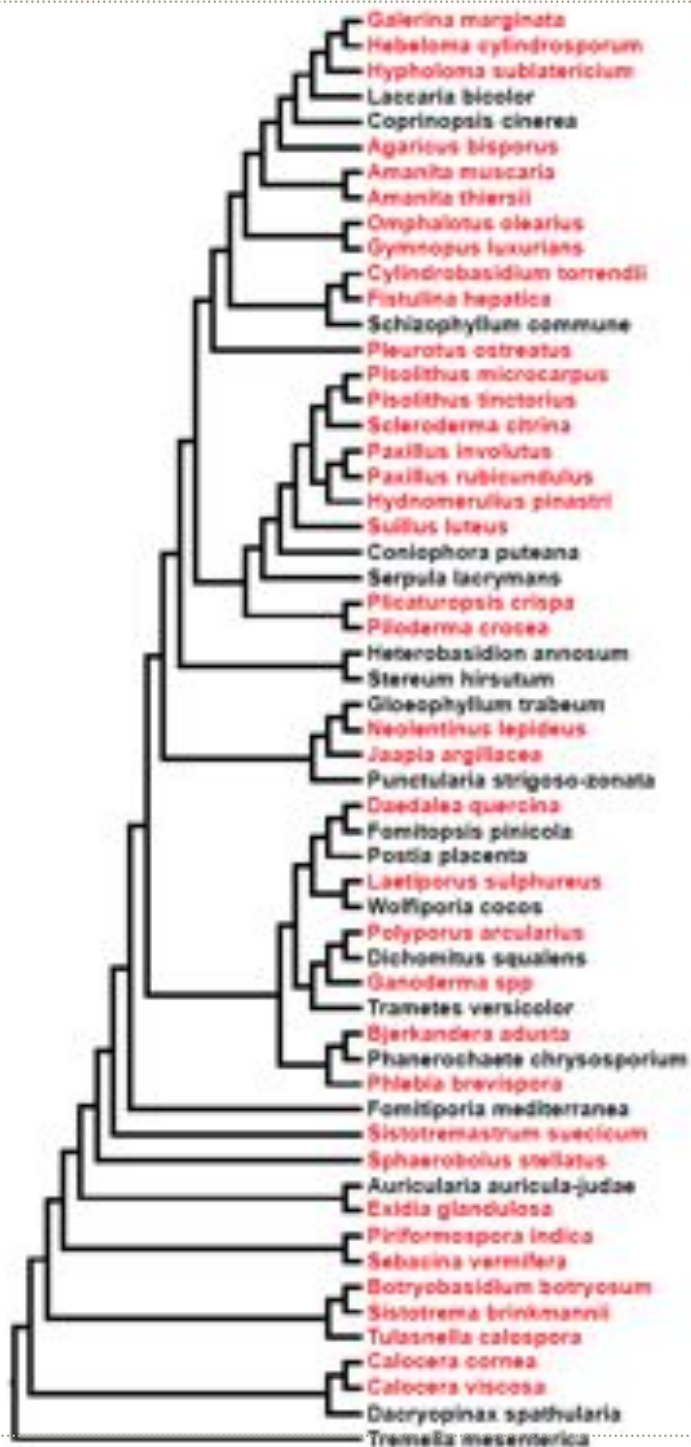
Metatranscriptomics of Forest Soil Ecosystems



About







| | |
|------------------|---------------|
| Agaricales | WR |
| | ECM |
| | WR |
| | ECM |
| | Phanerochaete |
| | Itzhumia |
| | ECM |
| | Itzhumia |
| | WR |
| | Itzh |
| | sp |
| | BR |
| Boletales | WR |
| | WR |
| | ECM |
| | ECM |
| | ECM |
| | ECM |
| | ECM |
| | BR |
| | ECM |
| | BR |
| | BR |
| | BR |
| Amylocorticiales | WR |
| Atheliales | ECM |
| Russulales | WR |
| Gloeophyllales | BR |
| | BR |
| | BR |
| Jaapiales | sp |
| Corticiales | WR |
| Polyporales | BR |
| | BR |
| | BR |
| | BR |
| | BR |
| | WR |
| | WR |
| | WR |
| | WR |
| | WR |
| | WR |
| | WR |
| Hymenochaetales | WR |
| Trechisporales | WR |
| Phallomycetidae | sp |
| Auriculariales | WR |
| Auriculariales | WR |
| Sebacinales | edgiphyte |
| | ECM |
| Cantharellales | sp |
| | sp |
| | orchid myc |
| Dacrymycetales | WR |
| | BR |
| Tremelliales | mycoparasite |

Taxa

Black = in Floudas et al. (2012)

(Red) = new (at least to us)

57 (37) Species

17 (7) Orders

3 (0) Classes

Ecology

21 (12)

White Rot

13 (6)

Brown Rot

9 (8)

Other Saprotroph

13 (12)

ECM/symbiont

1 (0)

Mycoparasite

Tree topology:

Floudas et al. *Science* (2012)

Matheny et al. *Mycologia* (2006)

Matheny et al. *MPE* (2007)

Binder, Justo et al. *Mycologia* (in press)

Kohler et al. *Nature Genetics* (2015) d)

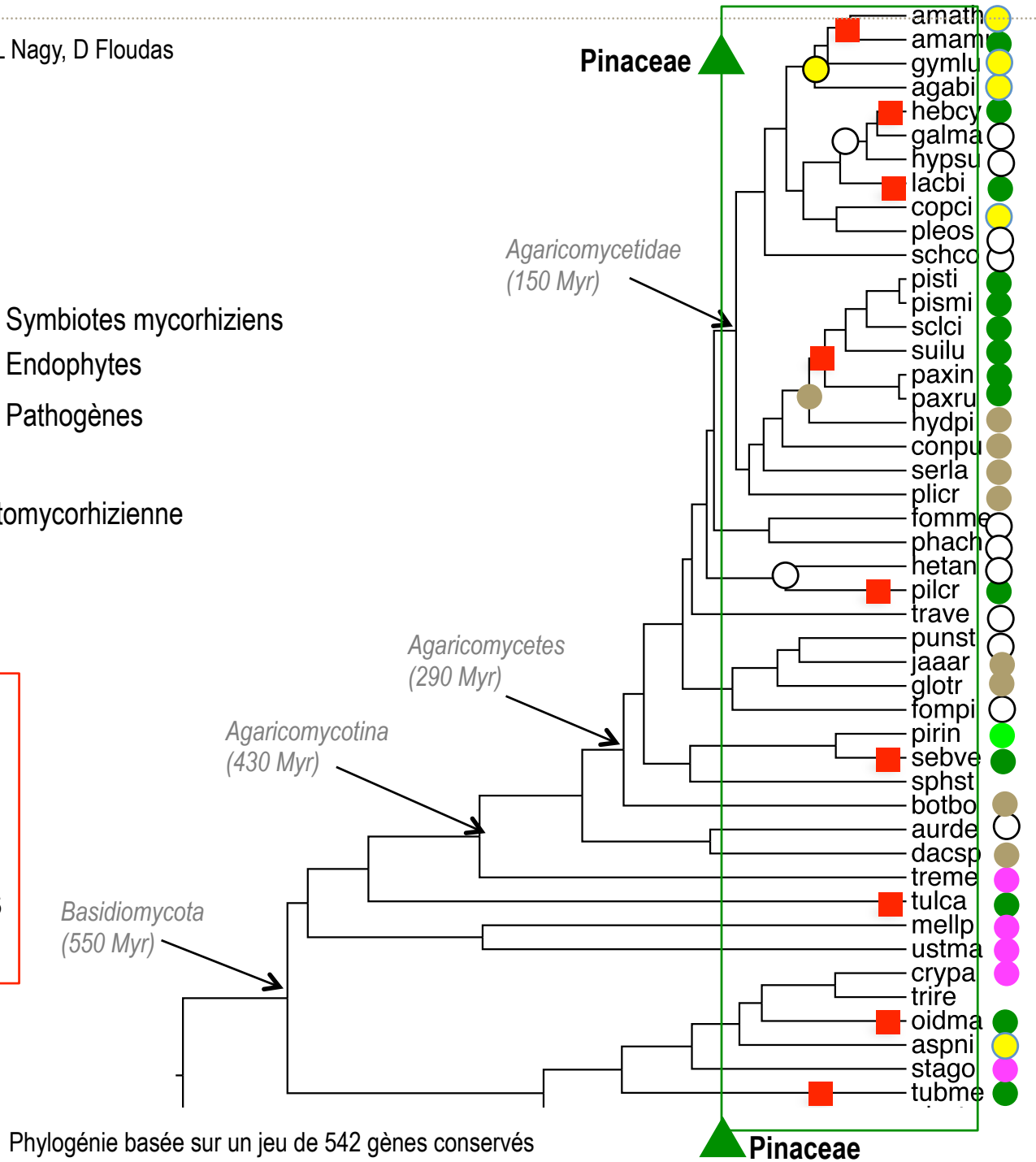


Niche écologique

- Pourritures brunes
- Pourritures blanches
- Dégradeurs de litière
- Symbiotes mycorhiziens
- Endophytes
- Pathogènes
- Emergence de la symbiose ectomycorhizienne

Conclusion 1

La symbiose ectomycorhizienne est apparue plusieurs fois au cours de l'évolution des champignons, à partir de décomposeurs du bois et de la litière



Major nutritional modes in forest fungi: Reconstructing the Past

280 Myrs



Calocera viscosa (Auriculariales)

Litter decayers



Amanita thiersii

180 Myrs



Amanita muscaria

White rotters



Galerina marginata



Hebeloma

Brown rotters



Serpula lacrymans



Suillus

Ectomycorrhizae



Ecological Traits/Lifestyles

● Pathogen

● Endophyte

● Mycorrhizal

● Leaf decayers

● Brown rotters

○ White rotters

Comparative Genomics to Decipher Ecological Traits

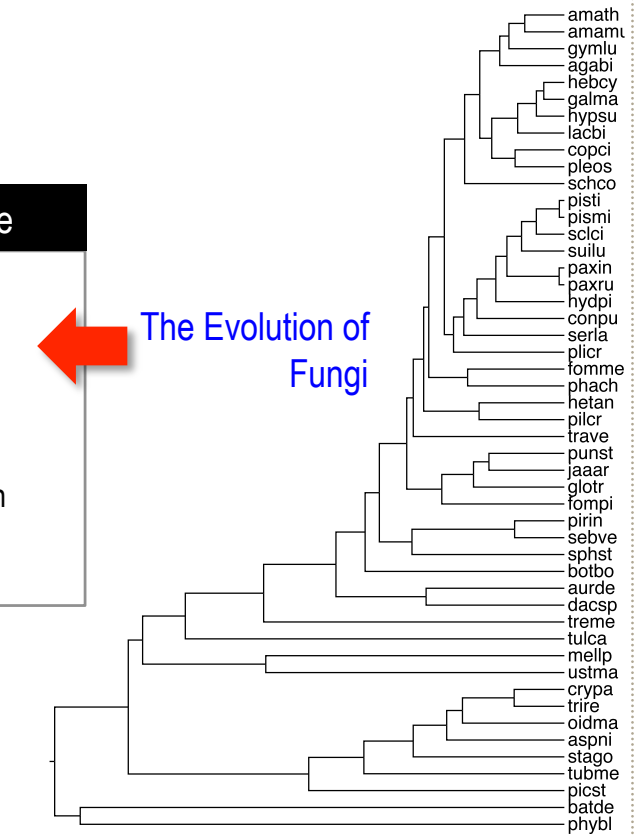
Major trait = carbon acquisition

Functional Divergence

Gene Repertoires

- gene acquisition
- gene decay
- gene duplication
- gene neofunctionalization
- gene family expansion
- gene family contraction

The Evolution of Fungi

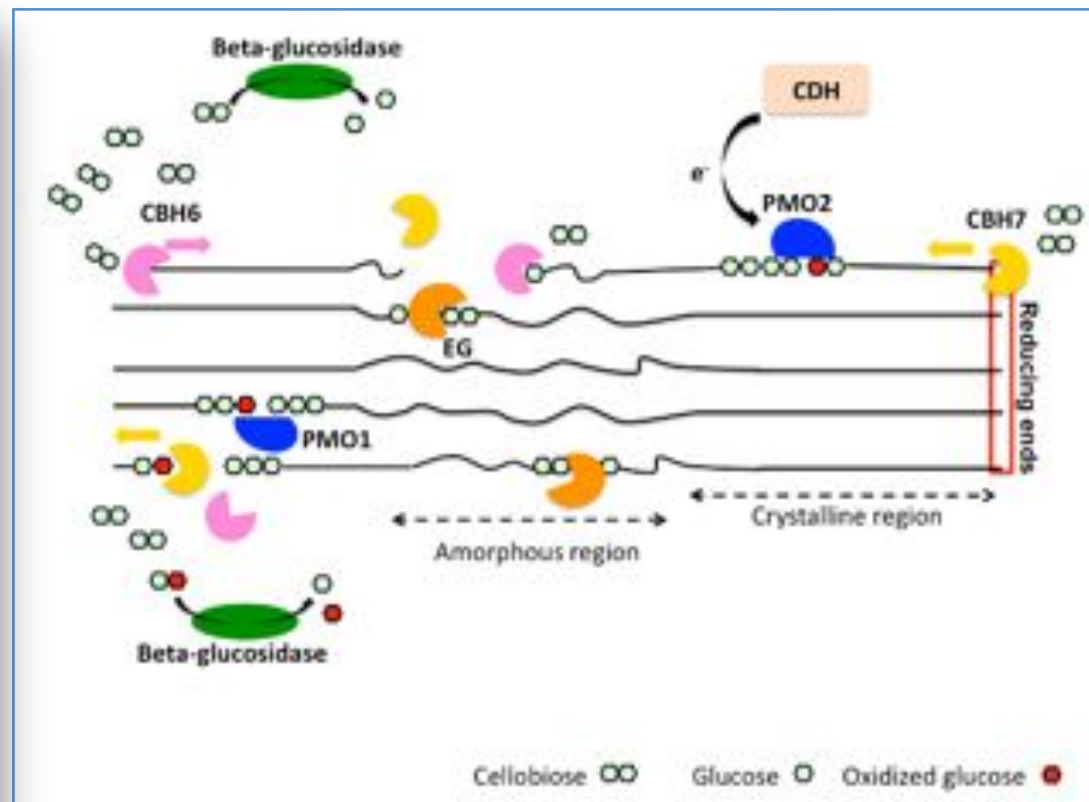


550 Myr

Lignocellulose & Plant Cell Wall Degrading Enzymes



Flammulina velutipes (Enoki, Velvet Shank)



CAZYmes (Carbohydrate-active enzymes)



Lignin-degrading POD/GLXs and CAZYs attacking crystalline cellulose in saprotrophic and ectomycorrhizal Agaricomycotina



| | | Lignin | | Cryst. Cellulose | | |
|-----------------|-------|--------|-----|------------------|-----|------|
| | | POD | GLX | GH6 | GH7 | GH61 |
| WR | gymlu | 5 | 5 | 1 | 7 | 13 |
| | schco | 0 | 0 | 1 | 2 | 22 |
| | plicr | 7 | 0 | 2 | 1 | 9 |
| | galma | 23 | 4 | 3 | 8 | 19 |
| | hypsu | 14 | 3 | 1 | 4 | 14 |
| | pleos | 9 | 4 | 3 | 16 | 29 |
| | hetan | 7 | 0 | 1 | 1 | 10 |
| | punst | 11 | 3 | 1 | 5 | 14 |
| | trave | 26 | 5 | 1 | 4 | 18 |
| | phchr | 16 | 1 | 1 | 8 | 15 |
| | fomme | 17 | 0 | 2 | 2 | 13 |
| aurde | 18 | 2 | 2 | 8 | 20 | |
| S/L | jaaar | 1 | 0 | 3 | 5 | 15 |
| | botbo | 0 | 0 | 3 | 7 | 32 |
| | agabi | 2 | 3 | 1 | 1 | 11 |
| | copci | 1 | 0 | 5 | 6 | 35 |
| | amth | 0 | 2 | 1 | 1 | 16 |
| BR | hydpi | 0 | 0 | 1 | 3 | 15 |
| | conpu | 0 | 0 | 2 | 2 | 10 |
| | serla | 0 | 0 | 1 | 0 | 5 |
| | glotr | 0 | 0 | 0 | 0 | 4 |
| | fompi | 1 | 0 | 0 | 0 | 4 |
| | dacsp | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| ECM etc | pismi | 0 | 0 | 0 | 0 | 4 |
| | pisti | 0 | 0 | 0 | 0 | 4 |
| | sclc | 0 | 0 | 0 | 0 | 3 |
| | paxin | 0 | 0 | 0 | 0 | 5 |
| | paxru | 0 | 0 | 0 | 0 | 3 |
| | suil | 0 | 0 | 0 | 0 | 2 |
| | pilcr | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 |
| | hebcy | 3 | 0 | 0 | 1 | 3 |
| | lacbi | 1 | 0 | 0 | 0 | 11 |
| amamu | 0 | 0 | 0 | 0 | 2 | |
| ORC | pirin | 0 | 0 | 2 | 1 | 25 |
| | sebve | 0 | 0 | 5 | 5 | 34 |
| | tulca | 0 | 0 | 7 | 27 | 33 |
| Mycopar. | treme | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |



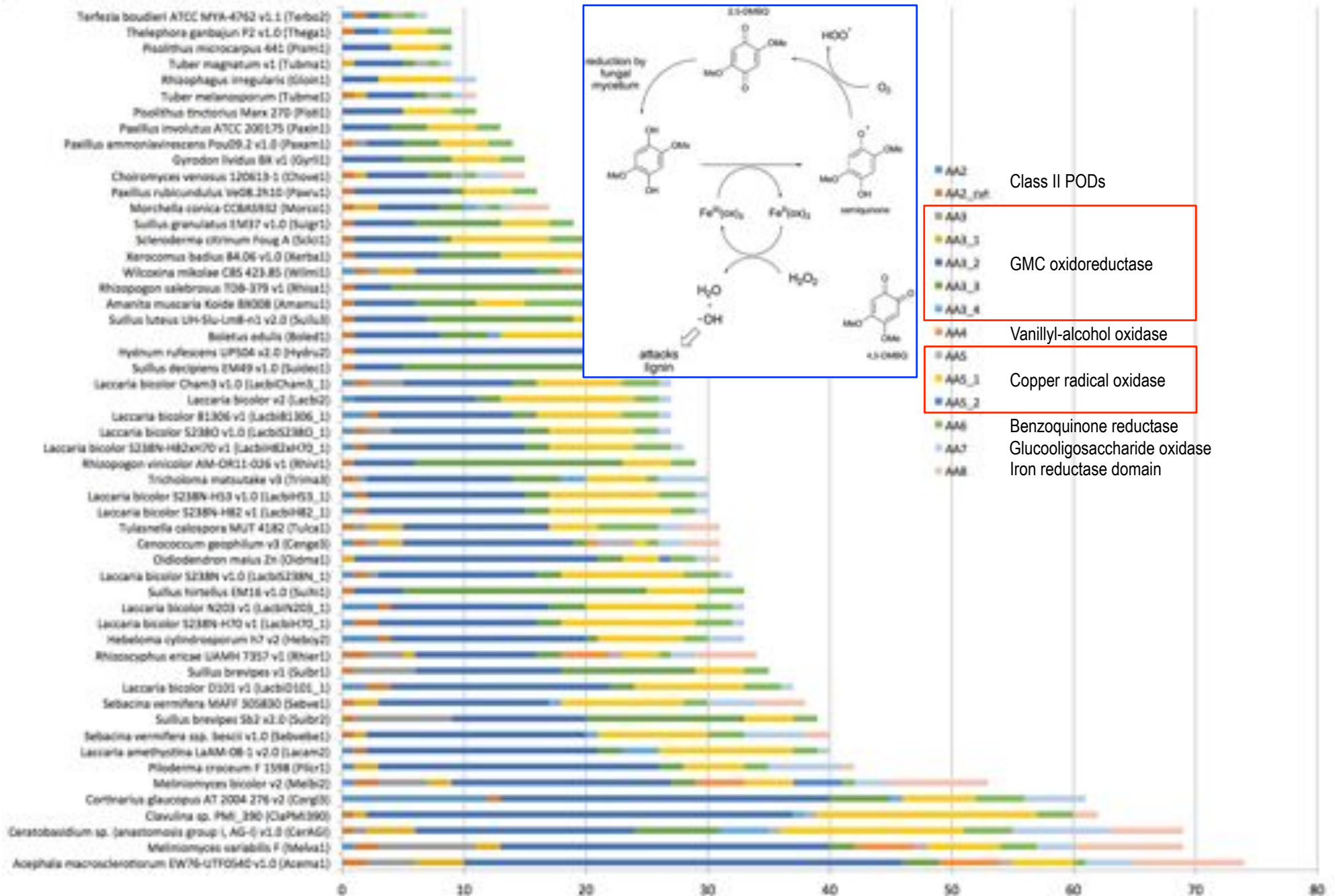
ectomycorrhizal



Orchids

Brown rot and ECM taxa are depleted in POD, GLX, GH6, GH7 and GH61 compared to WR and Soil/Litter saprotrophs.

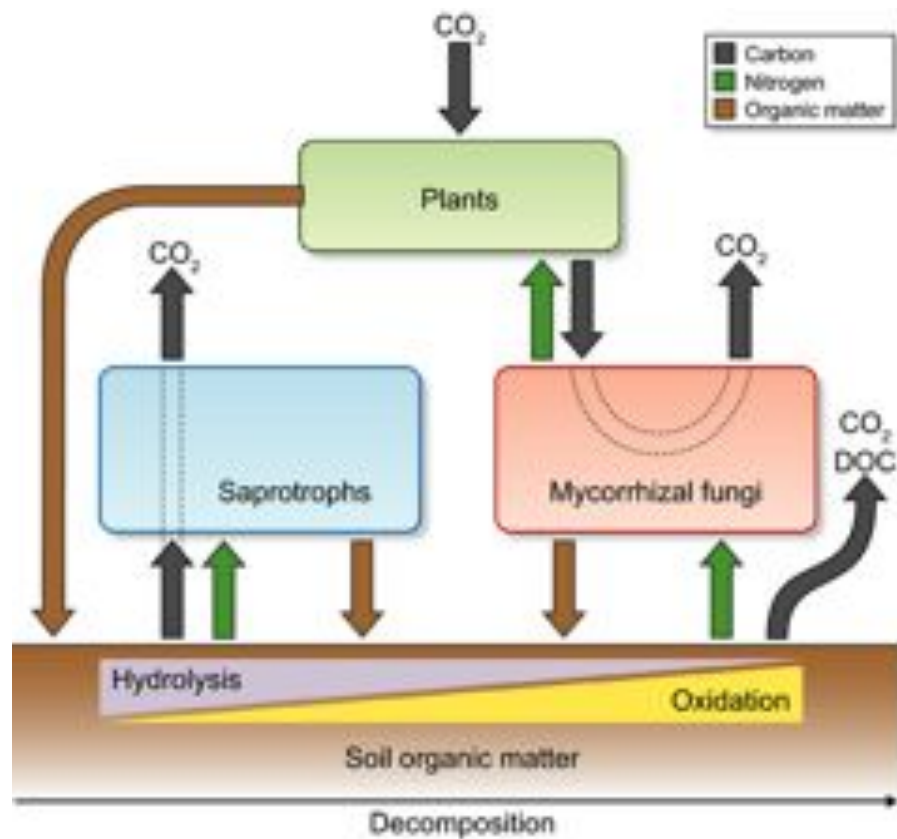
Distribution of Auxilliary Activities (AA)/oxidoreductase enzymes potentially involved in the Fenton reaction in mycorrhizal fungi



Ectomycorrhizal fungi – potential organic matter decomposers, yet not saprotrophs



"Atlas de Perfiles de Suelos" de W.L. Kubiëna





Un scénario évolutif ...

Sur la base de nos travaux de génomique comparative et de phylogénomique réalisés sur un premier jeu d'une centaine de génomes, nous proposons un scénario évolutif décrivant l'évolution des traits de vie chez les champignons de l'ordre des Agaricales (Basidiomycètes).

La capacité de dégrader la lignocellulose constituant le bois des premiers arbres serait apparue avec les agents de la pourriture blanche, champignons décomposeurs xylophages, il y a 300 M d'années.

Il y aurait eu la perte progressive des enzymes hydrolytiques de dégradation de la lignocellulose chez les ancêtres des pourritures brunes et des symbiotes ectomycorhiziens actuels (**érosion génomique**)

puis la création de protéines effectrices capables de contrôler l'immunité de la plante-hôte chez les symbiotes (**innovation génomique**).



Toward Symbiosis:

Step 1:

Genome erosion:

- Lost of the lignocellulose decay machinery
- = Lost of saprotrophic ability
- = ECM fungi rely on their host for carbon

Step 2:

Innovate & create genes

- To communicate with the host plant
- To control the plant immunity

Metatranscriptomics of Forest Soil Ecosystems



RNA
sequencing



MycoCosm Exploration of fungal diversity
Fungal Genomics Resource

1000 Fungal Genomes project
Nominate New Species!

Genomic Encyclopedia of Fungi

- Plant Feedstock Health
 - Mycorrhizal Symbiosis
 - Plant Pathogenesis
 - Biocontrol
- Biorefinery
 - Lignocellulose Degradation
 - Sugar Fermentation
 - Industrial Organisms
- Fungal Diversity
 - Submit CSP proposal!

Announcements

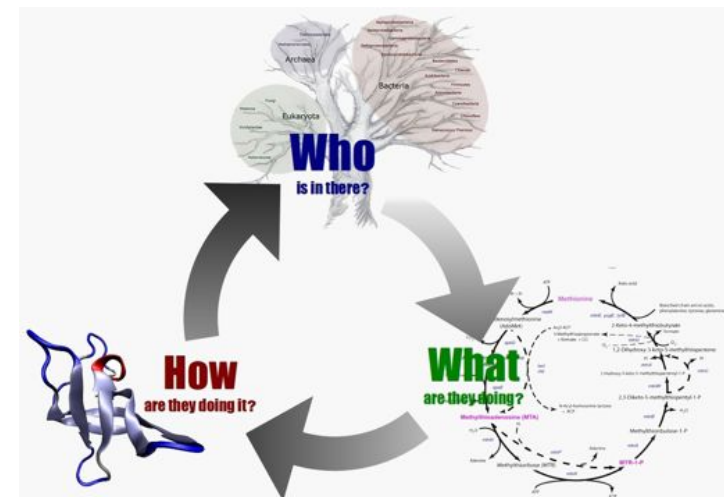
- March 6-9, 2014
Neurospora meeting, Asilomar, CA, U.S.A.
- March 16-20, 2014
Fungal genomics workshop @ JGI User Meeting, Walnut Creek, CA, U.S.A.
- March 23-27, 2014
European Conference on Fungal Genetics, Seville, Spain

by Keyword Search Genome

Yeast Isolates

- Pucciniomycotina
- Ustilaginomycotina
- Agaricomycotina
- Pezizomycetes
- Orbiliomycetes
- Eurotiomycetes
- Dothideomycetes
- Lecanoromycetes
- Leotiomycetes
- Sordariomycetes
- Xylonomycetes
- Saccharomycotina
- Taprinomycotina
- Glomeromycota
- Mucoromycotina
- Zoopagomycotina
- Entomophthoromycotina
- Kickxellomycotina
- Blastocladiomycota
- Chytridiomycota
- Neocallimastigomycota
- Microsporidia
- Cryptomycota

Sequence
mapping to
fungal genomes
>30%





Acknowledgements



INRA-Nancy
Francis Martin
Claire Fourrey
Annegret Kohler
Emmanuelle Morin



Yohann Daguerre
Jonathan Plett
Sebastian Wittulsky
Romain Schellenberger
Clément Pellegrin
Alice Vayssières
Joske Ruytinx
Feng Zhang



Mycorrhizal Genomics Initiative Consortium



B Henrissat



U.S. DOE JGI
Igor Grigoriev
Alan Kuo
Robin Ohm
Robert Riley
Kerrie Barry *et al.*



Clark University
David Hibbett
Laszlo Nagy
Dimitrios Floudas

