



INSTITUT DE FRANCE
Académie des sciences

Comptes Rendus

Biologies


Georges Pelletier

**Des plantes qui capturent des gènes de champignons pour se protéger
des champignons**

Volume 343, issue 2 (2020), p. 131-133

Published online: 9 October 2020

<https://doi.org/10.5802/crbio1.19>

 This article is licensed under the
CREATIVE COMMONS ATTRIBUTION 4.0 INTERNATIONAL LICENSE.
<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Les Comptes Rendus. Biologies sont membres du
Centre Mersenne pour l'édition scientifique ouverte
www.centre-mersenne.org
e-ISSN : 1768-3238



C'est apparu dans la presse / *News and Views*

Des plantes qui capturent des gènes de champignons pour se protéger des champignons

Plants that capture fungus genes to protect themselves from fungi

Georges Pelletier^a

^a Membre de l'Académie des sciences et de l'Académie d'Agriculture de France, France

Courriel : georges.pelletier@inra.fr

Mots-clés. Génétique, Champignons, Capture.

Keywords. Genetics, Mushrooms, Capture.

Manuscrit reçu et accepté le 4 août 2020.

Thinopyron elongatum (*Agropyron elongatum*), espèce sauvage de la tribu des Triticeae, est largement utilisée dans la sélection du blé (*Triticum aestivum*) comme source de gènes de résistance à diverses maladies cryptogamiques comme les rouilles, l'oïdium et la fusariose de l'épi. Ainsi certaines lignées de blé dérivant d'hybridation interspécifique portent sur leur chromosome 7B, un locus provenant de *T. elongatum*, *Fhb7*, qui leur confère une résistance à *Fusarium graminearum*, l'agent de la fusariose de l'épi.

Wang *et al.* [1] ont réalisé un séquençage profond (236×) des 7 chromosomes du génome de *T. elongatum* et annoté 44 474 gènes codant des protéines. Par comparaison aux génomes d'autres Triticeae, parmi lesquelles les graminées cultivées, ils ont pu situer à environ 4 à 6 millions d'années le dernier ancêtre commun entre les genres *Thinopyron* et *Triticum*.

La connaissance du génome de *T. elongatum* a rendu possible le clonage positionnel du gène *Fhb7* dans des lignées de blé. Par transgénése et par VIGS,

Wang *et al.* ont pu confirmer qu'il s'agit bien du gène qui confère cette résistance. Le gène *Fhb7*, présent chez *T. elongatum* et *T. ponticum* ne possède aucune séquence homologue dans le règne végétal. En revanche il est fortement homologue de séquences de glutathion-S-transférase (GST) présentes dans le genre *Epichloe*, (97% avec le gène d'*E. aotearoae*), un important groupe de champignons ascomycètes, endophytes des graminées sauvages. Ainsi il est hautement vraisemblable que ces espèces du genre *Thinopyron* aient acquis ce gène par transfert horizontal à partir de ces champignons qui vivent en étroite association avec ces plantes et produisent des alcaloïdes qui limite la pression des herbivores [2].

La séquence codante du gène *Fhb7* se trouve dans la plante sous le contrôle de signaux de régulation qui répondent à la présence de trichothécenes, groupe de mycotoxines produites par les *Fusarium*, inhibitrices de la synthèse protéique et facteurs importants de pathogénie du champignon. L'analyse chimique montre que la GST procède à la détoxification d'un

large spectre de trichothecenes produites par différentes espèces de *Fusarium* par rupture de leur groupement époxyde responsable de leur toxicité. Cette activité enzymatique pourrait se révéler d'une grande utilité en biomédecine et dans les industries alimentaires pour lutter contre ces mycotoxines qui peuvent contaminer les grains à la récolte avec des effets cancérogènes et immunosuppresseurs chez l'homme et les animaux d'élevage.

On peut faire le parallèle avec d'autres études [3] qui révèlent que *Fusarium graminearum*, originaire d'Amérique du Nord se comporte comme un endo-

phyte non pathogène vis-à-vis de nombreuses graminées sauvages, avec de très faibles accumulations de trichothecenes, ce qui montre une adaptation de ces plantes qui pourrait reposer sur une capacité à métaboliser ou détoxifier ces mycotoxines, comme dans le cas du gène *Fhb7*.

Le transfert horizontal de gènes des microorganismes aux plantes est déjà largement documenté. C'est en particulier le cas du transfert des gènes de l'ADN T des *Agrobacterium* qui, sans pour autant conférer un avantage évolutif évident, concerne environ 7% des espèces dicotylédones [4].

English version

Thinopyron elongatum (*Agropyron elongatum*), a wild species of the Triticeae tribe, is widely used in of breadwheat (*Triticum aestivum*) breeding as a source of resistance genes to various cryptogamic diseases such as rust, powdery mildew and fusarium head blight. For example, some wheat lines derived from interspecific hybridization carry on their 7B chromosome, a locus derived from *T. elongatum*, *Fhb7*, which confers resistance to *Fusarium graminearum*, the agent of fusarium head blight.

Wang *et al.* [1] performed deep sequencing (236×) of the 7 chromosomes of the *T. elongatum* genome and annotated 44,474 protein-encoding genes. Compared to the genomes of other Triticeae, including cultivated grasses, they were able to locate the last common ancestor between the genera *Thinopyron* and *Triticum* at about 4–6 million years ago.

Knowledge of the *T. elongatum* genome has made it possible to positionally clone the *Fhb7* gene in wheat lines. Through transgenesis and VIGS, Wang *et al.* were able to confirm that this is the gene that confers this resistance. The *Fhb7* gene, present in *T. elongatum* and *T. ponticum* has no homologous sequence in the plant kingdom. However, it is strongly homologous with Glutathion-S-transferase (GST) sequences present in the genus *Epichloë*, (97% with the gene from *E. aotearoae*), an important group of ascomycetes fungi, endophytes of wild grasses. Thus, it is highly likely that these species of the genus *Thinopyron* have acquired this gene by horizontal transfer from these fungi, which live in close association with these plants

and produce alkaloids that limit the pressure of herbivores [2].

The coding sequence of the *Fhb7* gene is found in the plant under the control of regulatory signals that respond to the presence of trichothecenes, a group of mycotoxins produced by *Fusarium*, inhibitors of protein synthesis and important factors in the pathogenesis of the fungus. Chemical analysis shows that GST detoxifies a broad spectrum of trichothecenes produced by different *Fusarium* species by disrupting the epoxide group responsible for their toxicity. This enzymatic activity could prove very useful in biomedicine and the food industry to control these mycotoxins which can contaminate grains at harvest with carcinogenic and immunosuppressive effects in humans and livestock.

A parallel can be drawn with other studies [3] which reveal that *Fusarium graminearum*, native to North America, behaves as a non-pathogenic endophyte towards many wild grasses, with very low accumulations of trichothecenes, showing an adaptation of these plants which could be based on their ability to metabolize or detoxify these mycotoxins, as in the case of the *Fhb7* gene.

Horizontal gene transfer from microorganisms to plants is already well documented. This is particularly the case for the transfer of *Agrobacterium* T-DNA genes which, without conferring an obvious evolutionary advantage, concerns about 7% of dicotyledonous species [4].

Références / References

- [1] H. Wang *et al.*, « Horizontal gene transfer of *Fhb7* from fungus underlies *Fusarium* head blight resistance in wheat », *Science* **09** (2020), article no. eaba5435.
- [2] S. Florea, D. G. Panaccione, C. L. Schardl, « Ergot alkaloids of the family Clavicipitaceae », *Phytopathology* **107** (2017), p. 504-518.
- [3] L. A. Lofgren *et al.*, « *Fusarium graminearum* : pathogen or endophyte of North American grasses? », *New Phytol.* **217** (2018), p. 1203-1212.
- [4] T. V. Matveeva, L. Otten, « Widespread occurrence of natural genetic transformation of plants by *Agrobacterium* », *Plant. Mol. Biol.* **101** (2019), p. 415-437.