

PRESSE **info**

Décembre 2014

SOMMAIRE

- La viande et le poisson altérés par des bactéries qui aiment le froid
- Phoma du colza : son évolution et son adaptation favorisées par les éléments transposables massivement présents dans son génome
- Des boucs sexuellement actifs empêchent l'arrêt saisonnier des ovulations chez la chèvre
- L'histoire ancestrale des tomates modernes
- Les secrets du brassage génétique chez la tomate

*L'équipe du service de presse de l'Inra vous souhaite
de très belles fêtes de fin d'année*



INRA
SCIENCE & IMPACT

La viande et le poisson altérés par des bactéries qui aiment le froid



© Inra - Jean-Marie Bossennec

Des chercheurs de l'Inra ont identifié les communautés bactériennes associées aux phénomènes d'altération de certaines viandes et de produits de la mer parmi les plus consommés en France. Les viandes et produits de la mer sont des aliments très périssables et dont la durée de stockage à froid est relativement courte (de quelques jours). Ces recherches ouvrent des perspectives pour limiter les pertes et gaspillages liés aux altérations que provoquent ces bactéries.

Limitier l'altération: un enjeu majeur de la production des viandes et des poissons

Les viandes et produits de la mer sont la source d'un développement bactérien qui, sans être un risque sanitaire pour le consommateur, conduit souvent à des phénomènes d'altération prématurés (défauts sensoriels) même avant la date limite de consommation. Les viandes et poissons altérés deviennent alors impropres à la consommation et sont retirés de la vente sans être distribués aux consommateurs. En Europe, jusqu'à 20% des viandes et poissons (163 millions de tonnes) sont produits à perte ou gaspillés en raison de ces phénomènes (source : EuroQuality 2014). Réduire ces pertes constitue un enjeu majeur dans le cadre du développement de systèmes alimentaires durables. Toutefois, les espèces bactériennes impliquées dans le processus d'altération de ces aliments d'origine animale et leur dynamique de croissance lors du stockage au froid sont peu connues à ce jour.

Des bactéries de l'environnement qui aiment le froid

Dans le cadre du projet ANR ECOBIOPRO, des chercheurs de l'Inra de Jouy-en-Josas, en collaboration avec 10 laboratoires agro-industriels ou académiques français, ont identifié les communautés bactériennes présentes dans les produits frais et au cours du stockage lorsque l'altération se produit dans 160 échantillons de viande et de produits de la mer issus de l'industrie française. Ces travaux ont montré que ces produits alimentaires sont naturellement contaminés par environ 150 à 200 espèces divisées en deux types de communautés, l'une spécifique de chaque produit et issue du microbiote (ou flore bactérienne) d'origine animale (peau/cuir/nasaux/tractus digestif), l'autre très conservée au sein des différents aliments et d'origine environnementale (eau/sol/alimentation animale). Au sein des quelques 500 espèces identifiées sur l'ensemble des produits, les scientifiques ont remarqué qu'une centaine d'espèces de nature psychrotrophe (capable de survivre et de se développer avantageusement au froid), vraisemblablement véhiculées par l'eau (environnement de l'animal, lavage et procédés de fabrication), étaient présentes sur tous les produits quelle que soit leur origine. Ils ont pu mettre en évidence que ces bactéries psychrotrophes, pourtant minoritaires dans les produits frais, constituent le cœur des assemblages bactériens altérants sélectionnés durant le stockage au froid.

Découverte de nouveaux taxons bactériens

En comparant les produits frais et les produits altérés, les chercheurs ont pu démontrer que sous l'effet de pressions de sélection exercées par le mode de stockage (sous vide ou sous atmosphère modifiée) et par le caractère nutritionnel spécifique à chaque aliment, les communautés altérantes se sont assemblées de manière différente et avec plus ou moins de diversité. Ainsi, les viandes se sont révélées plus sélectives que



les produits de la mer dans lesquels se développent des communautés plus diversifiées. Par ailleurs, ces travaux ont aussi conduit à l'identification de quelques nouveaux taxons bactériens majoritaires, notamment dans le cabillaud. Les méthodes culturales couramment utilisées dans l'investigation des flores alimentaires sont peu adaptées pour les écosystèmes présents dans les produits altérés. C'est pourquoi les espèces bactériennes qui se sont révélées majoritaires au sein des écosystèmes identifiés dans les produits altérés n'avaient jusqu'alors pas été décrites et ont pu l'être grâce aux techniques de séquençage à haut débit utilisées dans cette étude car elles ne requièrent pas d'étape de mise en culture.

Comprendre l'altération pour la maîtriser et réduire les pertes

Cette avancée scientifique ouvre de nombreuses perspectives pour mieux comprendre les interactions bactériennes qui se mettent en place lors du stockage au froid des viandes et des poissons. La possibilité de mieux cibler les différents acteurs bactériens impliqués dans la dégradation de ces aliments offre aux scientifiques les clés potentielles pour identifier les métabolismes qui concourent aux phénomènes d'altération visuelles et sensorielles. Cette connaissance pourrait alors être utilisée comme un outil de contrôle et de maîtrise de la croissance des bactéries altérantes et permettrait de minimiser les pertes économiques associées à la production de ces aliments.

Références

Stéphane Chaillou *et al.* **Origin and ecological selection of core and food-specific bacterial communities associated with meat and seafood spoilage.** *ISME Journal*, en ligne le 21 octobre 2014. doi:10.1038/ismej.2014.202

Contact scientifique

Stéphane Chaillou

Tel. 01 34 65 21 06- stephane.chaillou@jouy.inra.fr

Unité de recherche Microbiologie de l'alimentation au service de la santé

Département scientifique Microbiologie et chaîne alimentaire
Centre Inra de Jouy-en-Josas

Phoma du colza : son évolution et son adaptation favorisées par les éléments transposables massivement présents dans son génome



© Inra - Patrick Delhotal

Responsable du phoma du colza, le champignon *Leptosphaeria maculans* dévoile peu à peu tous les secrets de son génome aux chercheurs de l'Inra Versailles-Grignon. L'analyse des éléments transposables qu'il abrite en grande proportion, révèle leur rôle dans la spéciation de *Leptosphaeria* et dans son adaptation à l'hôte.

Lutter contre *Leptosphaeria maculans*, responsable de la maladie du phoma du colza, nécessite de bien comprendre la biologie de ce champignon pathogène. Une gageure à laquelle travaillent plus que jamais les équipes de recherche de l'Inra Versailles-Grignon.

Achévé en 2011, le séquençage du génome de *L. maculans* avait révélé la présence d'éléments transposables (des séquences d'ADN mobiles capables de se multiplier de manière autonome dans le génome où elles n'ont généralement pas de fonction identifiée) en grande proportion (33 %). Ces éléments ont la particularité d'être regroupés dans des compartiments spécifiques du génome où l'on retrouve également les gènes liés au pouvoir pathogène et à l'adaptation à l'hôte. Compte tenu de ces précédents résultats, les scientifiques ont choisi d'explorer le rôle potentiel joué par ces éléments dans la spéciation¹ et l'adaptation du champignon à son hôte chez cinq membres du complexe d'espèces *Leptosphaeria maculans*-*Leptosphaeria biglobosa*, à savoir *L. maculans* 'brassicae' et *L. maculans* 'lepidii', *L. biglobosa* 'brassicae', *L. biglobosa* 'canadensis' et *L. biglobosa* 'thlaspii'.

Des éléments transposables impliqués dans la spéciation de *Leptosphaeria*...

Grâce à des approches de génomique comparative et évolutive, les chercheurs ont montré que la divergence entre *L. maculans* 'brassicae' et *L. maculans* 'lepidii' daterait de 5 millions d'années. Celle entre *L. maculans* et *L. biglobosa* serait plus ancienne : 22 millions d'années, et serait concomitante à l'apparition des Brassicacées. Quant à *L. maculans* 'brassicae', elle est la seule espèce de ce complexe dont le génome ait été envahi par les éléments transposables. Leur analyse montre qu'ils sont spécifiques de cette espèce. Si l'on s'intéresse à *L. maculans* 'lepidii' qui est l'espèce la plus proche de *L. maculans* 'brassicae', son génome diffère de celui de *L. maculans* 'brassicae' par une trentaine d'inversions chromosomiques, bordées très majoritairement par des éléments transposables nouveaux, différents de ceux identifiés chez *L. maculans* 'brassicae'.

Ces données indiquent que les éléments transposables, impliqués dans les réarrangements chromosomiques, joueraient un rôle moteur dans la spéciation.

... et dans l'efficacité de l'infection

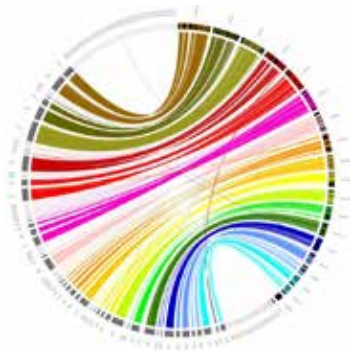
Au sein du complexe d'espèces *Leptosphaeria maculans*-*Leptosphaeria biglobosa*, les scientifiques ont mis en évidence que les gènes qui codent pour des protéines nécessaires à l'infection de la plante (ou effecteurs) sont, de manière générale, localisés préférentiellement dans des régions riches en éléments transposables. Au cours de l'évolution et donc de l'expansion de ces éléments, ces gènes ont été déplacés et isolés dans

¹Capacité à générer de nouvelles espèces, cf. encadré.



ces régions particulièrement dynamiques du génome. Cet environnement génomique, d'ores et déjà connu pour permettre au champignon d'adapter la production de ces effecteurs aux besoins de son développement, lui confère plus largement une grande plasticité qui lui permet de mieux s'adapter aux hôtes existants voire de s'adapter à de nouveaux hôtes.

L'ensemble de ces résultats souligne que, comparativement aux autres espèces du complexe *Leptosphaeria maculans*-*Leptosphaeria biglobosa*, l'invasion du génome de *L. maculans* 'brassicae' par des éléments transposables, bien au-delà des conséquences évolutives que cela a entraînées pour le champignon, a pu contribuer à son succès en tant qu'agent pathogène et à son adaptation à sa plante-hôte, le colza. Ces travaux ouvrent un champ de recherche nouveau et prometteur autour d'un champignon pathogène somme toute unique.



Comparaison, sous forme circulaire et pour chaque chromosome, des génomes de *L. maculans* 'brassicae' (partie droite du diagramme) et *L. maculans* 'lepidii' (partie gauche). Pour *L. maculans* 'brassicae', chaque chromosome est représenté d'une couleur différente et les boîtes noires montrant des barres colorées, matérialisent les zones des génomes enrichies en éléments transposables.

© Jonathan Grandaubert

Un complexe d'espèces, en quelques mots

Jusqu'au début des années 2000, l'espèce *Leptosphaeria maculans* était divisée en deux groupes de souches, pathogène et non-pathogène sur colza, ou encore agressives et peu agressives.

Sur la base d'analyses de séquences d'ADN et de comparaisons morphologiques, ces deux groupes sont aujourd'hui considérés comme deux espèces distinctes :

- le premier groupe responsable principal de la nécrose du collet correspond à *L. maculans* ;
- le second groupe responsable de nécroses de la tige moins préjudiciables au rendement correspond à *L. biglobosa*.

Aujourd'hui, on considère que c'est un complexe d'espèces *Leptosphaeria maculans* - *Leptosphaeria biglobosa* qui à l'origine du phoma du colza. Au sein de ce complexe, on distingue sept sous-espèces qui doivent être considérées comme des espèces distinctes sur la base des travaux publiés dans BMC Genomics, deux chez *Leptosphaeria maculans* ('brassicae', inféodée au colza et 'lepidii'), et cinq chez *Leptosphaeria biglobosa* ('brassicae' et 'canadensis', aussi inféodées au colza et 'thlaspii', 'erysimii' et 'australensis').

Référence :

Jonathan Grandaubert, Rohan G T Lowe, Jessica L Soyer, Conrad L Schoch, Angela P Van de Wouw, Isabelle Fudal, Barbara Robbertse, Nicolas Lapalu, Matthew G Links, Bénédicte Ollivier, Juliette Linglin, Valérie Barbe, Sophie Mangenot, Corinne Cruaud, Hossein Borhan, Barbara J Howlett, Marie-Hélène Balesdent, Thierry Rouxel. 2014. **Transposable Element-assisted evolution and adaptation to host plant within the *Leptosphaeria maculans*-*Leptosphaeria biglobosa* species complex of fungal pathogens.** *BMC Genomic* 15: 891.

Contact scientifique

Thierry Rouxel
 Tel. 01 30 81 45 73 - rouxel@versailles.inra.fr

Unité de recherche Biologie et gestion des risques en agriculture - Champignons pathogènes des plantes
 Département scientifique Santé des plantes et environnement
 Centre Inra de Versailles-Grignon

Des boucs sexuellement actifs empêchent l'arrêt saisonnier des ovulations chez la chèvre



© Inra - Sophie Normant

Jusqu'à présent, dans aucune espèce saisonnière, personne n'avait réussi à obtenir des femelles cycliques toute l'année. C'est désormais chose faite : une étude menée par des chercheurs mexicains en collaboration avec l'Inra, révèle que la présence de boucs sexuellement actifs toute l'année empêche l'arrêt saisonnier de l'activité sexuelle chez la chèvre. Ces résultats mettent ainsi en évidence l'importance de mieux comprendre les mécanismes intimes sous-jacents de la reproduction saisonnière. Ils invitent à explorer de nouvelles voies non pharmacologiques pour la maîtrise de la reproduction à contre-saison chez les espèces d'élevage.

Comme nombre de mammifères saisonniers des latitudes tempérées et subtropicales, les chèvres manifestent une saison sexuelle bien définie au cours de l'année : elles cessent leur activité sexuelle pendant plusieurs mois au printemps et en été (saison d'anœstrus). Pendant cette même période, les boucs réduisent également leur activité sexuelle. Des chercheurs mexicains du centre de recherche en reproduction caprine de l'Université Antonio Narro de Torreón, en collaboration avec des chercheurs de l'Unité physiologie de la reproduction et des comportements (Inra/CNRS/Université François Rabelais/IFCE) du Centre Inra Val de Loire ont mené une étude sur le contrôle de l'activité sexuelle des chèvres en présence de boucs sexuellement actifs en période d'anœstrus. Chez certains mâles, ils ont induit artificiellement une activité sexuelle intense de janvier à juin en les ayant soumis à des jours longs pendant l'automne et l'hiver précédents. En plus, ils ont utilisés des boucs naturellement actifs de Juillet à décembre. Ces boucs sexuellement actifs tout au long de l'année ont été placés avec les femelles de façon permanente, pendant un an et demi, de janvier à juin.

Résultat : la présence permanente des mâles sexuellement actifs empêche l'apparition d'une saison d'anœstrus chez les chèvres qui sont alors cycliques toute l'année. Cet effet stimulant est particulièrement probant puisque, lorsqu'on retire les boucs, les chèvres stoppent immédiatement leur activité cyclique et entrent en anœstrus. A l'inverse, en présence de boucs « témoins » (ayant une activité sexuelle faible entre janvier et juin), ou en absence de boucs, les femelles manifestent leur anœstrus saisonnier habituel de plus de cinq mois.

Ces travaux montrent que le maintien d'une cyclicité ovulatoire des femelles est donc possible en période d'anœstrus. Jusqu'à présent, les variations d'éclairement étaient considérées, chez les ovins et les caprins, comme le principal facteur externe responsable du saisonnement de la reproduction, l'alimentation et/ou les relations socio-sexuelles jouant seulement un rôle secondaire. Au contraire, ces résultats suggèrent qu'il est nécessaire de réévaluer les rôles respectifs de la photopériode et des autres facteurs externes dans le contrôle de la reproduction saisonnière des mammifères. De même, ils mettent en évidence l'importance qu'il y a à rechercher les interactions existantes entre les stimulations multiples, afin de mieux comprendre les mécanismes intimes sous-jacents de la reproduction saisonnière. Enfin, ils nous invitent à explorer de nouvelles voies non pharmacologiques pour la maîtrise de la reproduction à contre-saison chez les espèces d'élevage.





: Bouc et chèvre de l'étude, CIRCA, Université Antonio Narro de Torréon au Mexique. © CIRCA, Delgadillo

Référence :

Sexually active males prevent the display of seasonal anestrus in female goats. J.A. Delgadillo, J.A. Flores, H. Hernández, P. Poindron, M. Keller, G. Fitz-Rodríguez, G. Duarte, J. Vielma, I.G. Fernández, P. Chemineau. *Hormones and Behavior*, en ligne depuis le 11 décembre 2014

Contact scientifique

Philippe Chemineau : philippe.chemineau@tours.inra.fr
Directeur de recherches Inra
Unité physiologie de la reproduction et des comportements
(Inra/CNRS/Université François Rabelais/IFCE)
Département scientifique Physiologie animale et systèmes
d'élevage
Centre Inra Val de Loire

L'histoire ancestrale des tomates modernes



© Inra - Christophe Maître

La tomate est une espèce d'origine sud-américaine qui constitue aujourd'hui un légume de première importance dans le monde entier. Les variétés de tomates cultivées aujourd'hui sont issues d'un long processus d'amélioration par l'Homme, d'abord par la domestication des tomates sauvages puis par la sélection des fruits les plus beaux dans les variétés cultivées. Cette histoire a été en grande partie retracée dans une publication, parue le 12 octobre 2014, dans la revue Nature Genetics. Des chercheurs chinois ont séquencé les génomes complets de plus de

360 variétés de tomates dont plus de 100 ont été fournies par le Centre de Ressources Biologiques de l'Inra basé à Avignon.

L'histoire de la domestication des plantes cultivées est enregistrée dans la séquence des génomes des espèces, à l'image de l'histoire d'ancêtres que vous pourriez lire sur le visage des descendants. Mais la manière dont la domestication (passage des espèces sauvages aux espèces cultivées il y a plusieurs milliers d'années) puis la sélection humaine récente des meilleures variétés cultivées, ont modifié le génome de l'espèce reste largement méconnue. La sélection professionnelle est récente et n'a été généralisée qu'au début du 20^e siècle.

Grâce aux nouvelles technologies de séquençage et à l'existence, depuis 2012, d'une séquence de référence de grande qualité du génome d'une variété de tomate appelée « Heinz 1706 », un consortium de huit laboratoires chinois a séquencé les génomes de 360 variétés de tomates sauvages et cultivées. Ils ont notamment bénéficié de plus de 100 variétés de tomates anciennes conservées dans le Centre de ressources biologiques (*voir encadré*) de l'Inra d'Avignon, choisies pour représenter un large ensemble de biodiversité.

L'histoire de la domestication de la tomate a été déchiffrée grâce à l'étude et à la comparaison du génome des espèces sauvages, encore conservées à ce jour, et des premières variétés domestiquées, proches de nos tomates-cerises. L'impact de la sélection ultérieure a été analysée en confrontant le génome des premières variétés cultivées avec celui des variétés modernes, reconnaissables à leurs gros fruits. L'article montre que la domestication puis l'amélioration de la tomate par l'homme, ont modifié deux ensembles indépendants de gènes pour donner naissance au fruit de tomate moderne qui est 100 fois plus grand que son ancêtre.

Ces travaux ont montré plusieurs tournants d'évolutions majeurs au niveau des génomes modernes, dont la présence systématique de gènes de résistance issus d'espèces sauvages distantes sud-américaines, sélectionnés par croisements et introgression¹ chez les variétés modernes, créant ainsi une nouvelle diversité du génome.

1. L'introgression est un terme de la génétique (des plantes principalement) désignant le transfert d'un gène d'une espèce au pool génétique d'une autre espèce (après une hybridation suivie de rétrocroisements répétés avec l'une des espèces parentes). Un tel processus aboutit à un être très proche de l'original d'un point de vue génétique, mais disposant de certaines séquences d'ADN émanant de l'autre espèce parente.



Les données sont rendues publiques via la base de données « Sol-Genomics » (<http://solgenomics.net>) et constituent un ensemble très riche de plusieurs millions de polymorphismes, très utiles aux chercheurs et aux sélectionneurs qui travaillent sur la tomate.

Géré par l'unité Inra Génétique et Amélioration des Fruits et Légumes (GAFL) d'Avignon, le Centre de Ressources Biologiques (CRB) des légumes à graines conserve le patrimoine génétique de cinq espèces légumières : la tomate, le piment, l'aubergine, le melon et la laitue, sous forme de graines. Il compte plus de 10 000 accessions différentes. Ces accessions sont d'anciennes variétés, mais aussi des espèces cultivées et celles apparentées ainsi que des espèces sauvages. Le CRB conserve plus de 3 000 accessions de tomates, dont 200 d'espèces de tomates sauvages. Les chercheurs étudient ces ressources pour connaître leur potentiel en matière de création variétale. Les ressources génétiques du CRB sont préservées sur le long terme par un travail constant de multiplication des graines car celles-ci ne se conservent que quelques années. Ce matériel biologique est régulièrement utilisé pour les programmes de recherche. Il est aussi diffusé à l'ensemble de la communauté scientifique internationale, ou à nos partenaires socio-économique.

Référence :

Nature Genetics, published online 12 October 2014; doi:10.1038/ng.3117

Genomic analyses provide insights into the history of tomato breeding, Tao Lin et al.

Contacts scientifiques

Mathilde Causse :

mathilde.causse@avignon.inra.fr - Tél. : 04 32 72 28 03

Unité de recherche « Génétique et Amélioration des Fruits et Légumes »

Département scientifique Biologie et amélioration des plantes
Centre Inra PACA