

# **Journées Jean Chevaugeon**

**VII<sup>e</sup> RENCONTRES DE  
PHYTOPATHOLOGIE / MYCOLOGIE  
DE LA SOCIÉTÉ FRANÇAISE DE PHYTOPATHOLOGIE**

**Du 20 au 24 janvier 2008**

**Centre Paul Langevin, CAES du CNRS  
Aussois (Savoie) – France**



**Site web : <http://jjchevaugeon2008.cirad.fr/>**

# Phylogénie moléculaire et évolution des truffes

C. Murat<sup>(1)</sup>, S. Jeandroz<sup>(2)</sup>, Y. Wang<sup>(3)</sup>, E. Zampieri<sup>(1)</sup>, P. Bonfante<sup>(1)</sup>, F. Le Tacon<sup>(4)</sup>

<sup>(1)</sup> Dipartimento Biologia Vegetale et CNR-IPP, Viale Mattioli 25, 10125 Torino, ITALIE

<sup>(2)</sup> UMR 1136, INRA/Université Henri Poincaré, Nancy I, Faculté des Sciences et Techniques, BP 239, 54500 Vandœuvre-lès-Nancy, Cedex, FRANCE,

<sup>(3)</sup> Emerging Viruses Unit, Institut Pasteur of Shanghai /Chinese Academy of Sciences, 225 South Chongqing Road, Shanghai, 200025, CHINE

<sup>(4)</sup> UMR INRA/UHP 1136 "Interactions Arbres/Micro-organismes", Centre INRA de Nancy, 54280 Champenoux, FRANCE

Les truffes sont des champignons Ascomycètes, appartenant au genre *Tuber*, formant de nombreuses associations ectomycorrhiziennes avec les arbres et les arbustes. Ce genre est réparti dans l'hémisphère nord entre 25° et 60° de latitude dans des climats très différents : climats tropicaux d'altitude, climats méditerranéens, climats tempérés ou tempérés froids, climats continentaux continentaux froids. L'Index Fungorum répertorie 227 espèces, sous-espèces ou variétés de truffes. Cependant, beaucoup de ces espèces ont été mal identifiées ou mal décrites et le nombre d'espèces valides sur le plan taxonomique ne devrait pas dépasser 70.

Le premier objectif de cette étude était de clarifier les relations phylogénétiques au sein du genre *Tuber* par l'analyse du polymorphisme de plusieurs gènes (18S rRNA, 5.8S rRNA, 5.8S-ITS rRNA et  $\beta$ -tubuline, Elongation Factor 1 Alpha, Protein Kinase C). Dans un second temps, nous avons tenté, par analyse dite de l'horloge moléculaire, de dater l'émergence de l'ancêtre commun du genre et des principaux groupes. Enfin, nous avons mis au point une technique de librairie soustractive appliquée au génome (gSSH) pour essayer d'identifier les régions génomiques impliquées dans l'origine de la spéciation chez les truffes.

La phylogénie de 32 espèces asiatiques, européennes et nord américaines permettent de suggérer que toutes les espèces s'organisent en cinq groupes : *Aestivum* (Europe et Afrique du Nord), *Excavatum* (Europe et Afrique du Nord), *Rufum* (Asie, Europe, Afrique du Nord, Amérique du Nord), *Melanosporum* (Europe et Asie) et *Puberulum* (Asie, Europe, Afrique du Nord, Amérique du Nord). L'utilisation du test de taux relatif (Tajima) a permis de vérifier que le taux de mutation des gènes 18S rRNA, 5.8S rRNA, 5.8S-ITS2 rRNA et  $\beta$ -tubuline était compatible avec l'hypothèse d'horloge moléculaire. L'origine du genre *Tuber* remonterait à environ 200 millions d'années, probablement juste après la séparation de la Laurasia du Gondwana. Deux phylums semblent s'être rapidement formés, un phylum strictement européen et un phylum eurasiatique. Le genre *Tuber* est ensuite connu de nombreux événements de spéciations. Afin d'identifier les régions génomiques impliquées dans l'origine de ces spéciations nous avons utilisé la technique gSSH en prenant *T. melanosporum* comme "DNA tester" et *T. borchii* comme "DNA driver". Parmi les séquences identifiées, 16% ont montré une homologie avec des séquences de rétrotransposons. Ce résultat nous permet de suggérer que les rétrotransposons auraient joué un rôle dans l'évolution du genre *Tuber*. Cette analyse sera complétée avec l'étude du génome de *T. melanosporum* qui permettra d'avoir de plus amples informations sur l'évolution des truffes en réalisant des analyses de génomique comparée.