

DES CHAMPIGNONS POUR COMPRENDRE L'ÉVOLUTION

L'étude des mécanismes évolutifs des organismes, au cœur d'enjeux cruciaux tels que les menaces sur la biodiversité, connaît des avancées majeures. À la pointe de ces recherches, **Tatiana Giraud** montre comment ses travaux sur les champignons y contribuent.

Depuis la révolution scientifique provoquée par le livre « l'Origine des espèces », de Charles Darwin, publié en 1859, la biologie évolutive cherche à comprendre les mécanismes évolutifs permettant aux organismes d'évoluer, de se diversifier, et de s'adapter à un environnement changeant plus ou moins rapidement. Ce sont des questions fondamentales pour comprendre le monde vivant. Cette recherche a également des applications pour comprendre les conséquences des changements globaux actuels, avec les changements climatiques, mais aussi les mouvements d'organismes à l'échelle de la planète et les changements d'usages des terres. La génétique et les mathématiques

sont venues compléter la théorie développée par Charles Darwin au début du XIX^e siècle. Les développements récents des techniques de séquençage de l'information génétique permettent d'étudier au niveau génétique les traces de la sélection naturelle et des mécanismes d'adaptation.

gardés vivants au congélateur. D'autre part, la diversité microbienne et son évolution sont encore mal connues, alors que les champignons ont une grande importance écologique et économique. En effet, les champignons assurent de nombreux services dans les écosystèmes (comme le recyclage de la matière organique et les symbioses essentielles avec les plantes), ils peuvent être des pathogènes dangereux dans les populations naturelles ou les cultures, et ils ont été domestiqués pour des usages variés, de la fermentation de la nourriture à la production d'antibiotiques.

COMPRENDRE LES INVASIONS DE PATHOGÈNES

Nos recherches portent notamment sur les invasions biologiques de champignons pathogènes qui créent de nouvelles maladies émergentes, sur les cultures mais aussi dans les écosystèmes naturels. Nous avons par exemple reconstruit les routes d'invasion d'un champignon responsable d'une maladie castratrice (appelée charbon des anthères) chez le compagnon blanc, une plante de bords de routes. Nous avons montré que l'invasion aux États-Unis de la maladie sur le compagnon blanc au début du XX^e siècle a pu se faire par l'introduction de seulement deux individus depuis l'Écosse. Nous avons également reconstruit l'histoire de l'invasion du mildiou de la vigne depuis l'Amérique du Nord dans le monde entier, et celle de la maladie de la nécrose du collet du colza. Ce type d'études sur les invasions biologiques permet de mieux comprendre comment se produisent les invasions de pathogènes, ce qui a de grandes consé-

BIOLOGIE ÉVOLUTIVE

Dans le cadre de notre partenariat avec l'Académie des sciences, les académiciens nouvellement élus fin 2019 présentent un éclairage sur leur discipline et ses enjeux scientifiques, éthiques, politiques et sociétaux à travers leur expérience personnelle.

matiques sont venues compléter la théorie développée par Charles Darwin au début du XIX^e siècle. Les développements récents des techniques de séquençage de l'information génétique permettent d'étudier au niveau génétique les traces de la sélection naturelle et des mécanismes d'adaptation.

Pour comprendre comment les organismes évoluent et s'adaptent à leur environnement, notre équipe utilise les champignons comme modèles. Ils constituent d'excellents modèles biologiques, ayant de très petits génomes, se prêtant aux expériences au laboratoire, pouvant être cultivés à l'infini et



PROFIL

Directrice de recherche au CNRS au laboratoire Écologie, systématique et évolution (université Paris-Saclay), membre de l'Académie des sciences, **Tatiana Giraud** étudie les mécanismes évolutifs liés à l'origine de nouvelles espèces et à leur adaptation. Ses travaux sur les champignons ont notamment permis de mieux comprendre les maladies de plantes et la domestication des champignons des fromages.

quences appliquées en agriculture, mais aussi pour le maintien de l'équilibre des écosystèmes naturels face aux changements globaux. Les invasions biologiques sont en effet l'une des menaces principales sur la biodiversité actuellement.

Nous utilisons également l'information présente dans les génomes pour obtenir de nouvelles perspectives sur les mécanismes d'adaptation, en cherchant à comprendre comment les champignons pathogènes s'adaptent à de nouvelles espèces de plantes, créant ainsi des maladies émergentes. Il est ainsi possible de comprendre si l'adaptation se produit, par exemple, plutôt par des changements de séquences de gènes ou par des copies de gènes qui peuvent ensuite se diversifier, et si l'adaptation implique de nombreux gènes. Chez le champignon responsable de la maladie du charbon des anthères, nous avons ainsi trouvé que près de 20 % du génome était affecté par des épisodes de sélection récente, répartis de façon homogène le long du génome, et qu'il y avait peu de « copier-coller » ou de perte de gènes.

Les champignons sont d'excellents modèles pour étudier l'adaptation des organismes à leur milieu. Notamment ceux qui ont été domestiqués pour des usages variés. Ici, le fromage.

Pour comprendre les mécanismes de l'adaptation des organismes vivants, nous étudions aussi la domestication des champignons utilisés pour l'affinage du fromage. La domestication est le résultat de changements évolutifs induits par une sélection artificielle exercée par l'être humain, qui sélectionne les caractères les plus avantageux pour lui, comme la quantité de lait chez les vaches laitières ou la grosseur des grains chez les céréales. Il s'agit ainsi d'une sélection forte et récente exercée par l'être humain pour des caractères connus, et il est plus facile de rechercher les traces de telles adaptations dans les génomes. L'être humain fabrique du fromage depuis le néolithique, il a exercé une pression de sélection sur de nombreuses espèces de champignons pour affiner au mieux des centaines de variétés différentes de fromages, les champignons jouant un rôle essentiel dans la couleur, le goût et l'onctuosité des fromages. Il s'agit donc d'un excellent modèle pour comprendre les mécanismes évolutifs générant une biodiversité, ou la réduisant, et pour comprendre les mécanismes d'une adaptation rapide à un nouvel environnement, ici le fromage.

LA MONDIALISATION AFFECTE LA SÉLECTION

Nous avons étudié le champignon *Penicillium camemberti*, utilisé pour la production du camembert et du brie, et *Penicillium roqueforti*, utilisé pour la fabrication des fromages bleus. Nous avons révélé une adaptation au fromage très rapide à l'échelle évolutive, les populations utilisées pour l'affinage poussant mieux dans les conditions du fromage, riche en sel, en gras, en protéines, excluant mieux les autres micro-organismes et ayant une couleur plus appréciée des consommateurs. Le champignon utilisé pour l'affinage du brie était par exemple plutôt bleu-vert jusqu'au début du XX^e siècle, au cours duquel un mutant blanc a été sélectionné, produisant le duvet blanc épais en surface des bries et camemberts. L'adaptation rapide au fromage s'était réalisée grâce à de multiples transferts de gènes entre espèces du fromage, pourtant très distantes génétiquement. Ces transferts de gènes très récents impliquaient notamment des gènes permettant de dégrader le lactose, le sucre présent dans le lait.

Nous avons étudié plus en détail la diversité génétique au sein du champignon *Penicillium roqueforti* utilisé pour l'affinage des fromages bleus, et nous avons identifié plusieurs groupes génétiques différenciés, dont deux sont inoculés dans le fromage, et deux se trouvent dans des milieux autres que le fromage, comme le bois ou l'ensilage, ou comme moisissures indésirables de la nourriture. Concernant les deux groupes génétiques utilisés pour faire des fromages, un groupe n'a pra-)))

En étudiant *Penicillium roqueforti*, nous avons mis en évidence qu'une faible diversité génétique résulte d'une sélection récente très forte dans le cadre de la mondialisation et de l'industrialisation croissantes.

» tiquement aucune diversité génétique et est utilisé pour faire la plupart des fromages bleus dans le monde ; cette faible diversité est probablement le résultat d'une sélection récente très forte dans le cadre de la mondialisation et de l'industrialisation croissantes, avec la sélection d'une seule lignée très performante. Au contraire, l'autre groupe de *Penicillium roqueforti* a conservé davantage de diversité génétique et est utilisé principalement pour les fromages de Roquefort, l'appellation d'origine protégée (AOP) ayant probablement protégé la diversité génétique en imposant l'utilisation de souches locales. Ces deux variétés de champignons *Penicillium roqueforti* produisent des fromages avec des arômes et des aspects différents, et bien meilleurs que les groupes génétiques trouvés ailleurs que dans le fromage, montrant bien l'existence d'une domestication.

RECONSTITUER DE LA DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE

Au sein du *Penicillium camemberti* utilisé pour l'affinage des bries et camemberts, une grande perte de diversité génétique s'est également produite due à la sélection par l'être humain, surtout récemment à cause de la sélection d'une unique souche blanche. Il y a néanmoins eu une diversification récente en deux variétés très proches génétiquement, mais avec des couleurs, des morphologies et des métabolismes différents ; la variété utilisée pour le brie et le camembert est plus blanche et duveteuse, tandis que la variété

utilisée pour les autres fromages, comme la rigotte de Condrieu et le saint-marcelin, est plus grise et rase. Il peut donc y avoir de grandes différences dans les aspects et les métabolismes même avec une faible diversité. Cependant, cette faible diversité restreint fortement les possibilités d'amélioration variétale, d'adaptation à de nouveaux changements, et entraîne une dégénération difficile à contrer. La production de spores chez les variétés de *Penicillium camemberti* utilisées pour l'affinage des fromages décroît ainsi régulièrement, ce qui pose des problèmes pour la production et l'inoculation du champignon dans le fromage. Nous cherchons donc à induire une reproduction sexuée chez *Penicillium camemberti*, pour permettre un brassage génétique pour reconstituer de la diversité génétique, et ainsi permettre un meilleur potentiel adaptatif, comme nous avons réussi à le faire pour *Penicillium roqueforti*.

D'autres champignons sont utilisés pour la fermentation des saucissons, *Penicillium nalgiovense* et *Penicillium salamii*, dont les populations utilisées par l'être humain montrent aussi une faible diversité génétique, ainsi que des changements évolutifs vers des couleurs plus claires, des métabolismes différents des lipides et des protéines, et impliquant également des transferts de gènes entre espèces.

Ce type de travaux permet d'améliorer notre compréhension des processus génomiques d'adaptation rapide à de nouveaux environnements, en particulier en soulignant l'importance des transferts de gènes entre espèces, qu'on avait longtemps pensé être restreints aux bactéries. Ces études permettent également de comprendre les mécanismes évolutifs de diversification ou d'appauvrissement de la biodiversité. ★

Deux groupes de champignons entrent dans l'affinage des bleus : celui des fromages largement diffusés est génétiquement pauvre ; celui de l'AOP roquefort, issu de souches locales, bien plus divers.

EN SAVOIR PLUS

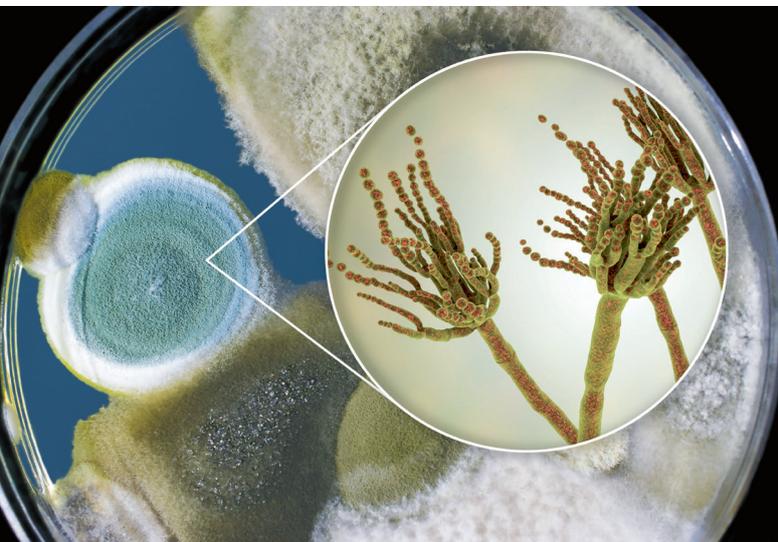
Le site de l'Académie des sciences : academie-sciences.fr

« **Les preuves moléculaires de l'évolution** », conférence de T. Giraud. Université catholique de Louvain, Belgique, 2019 : <https://uclouvain.be/fr/chercher/louvain4evolution/les-preuves-de-l-evolution-biologique.html>

« **Camemberti et roqueforti échangent un peu trop leurs gènes** », 2015. En ligne sur Futura-Sciences : www.futura-sciences.com/planete/actualites/champignon-bref-camemberti-roqueforti-echangent-peu-trop-leurs-genes-59948/

« **Échanges de gènes moisissés : de quoi en faire tout un fromage** », par G. Degrez, 2015. En ligne sur : www.archives-upsud.universite-paris-saclay.fr/www.actu.u-psud.fr/fr/recherche/actualites-2015/echanges-de-genes-entre-fromages.html

« **La domestication des champignons *Penicillium* du fromage** », de J. Ropars, B. Bennetot, T. Caron, Y.-C. Lo et T. Giraud. « Comptes rendus de l'Académie des sciences », septembre 2020. En ligne sur researchgate.net



GETTY IMAGES / ISTOCKPHOTO