

Application de GECOMARA

Les bactéries du genre *Curtobacterium*, pathogénicité et dégradation de la litière

Auteur : Alain Bultreys

Equipe : Alain Bultreys, Isabelle Gheysen, Camille van Eyll

Financement : Fonds propres CRA-W

Les deux conventions SPF HARMSTAT et CurtoALERT partageaient l'étude de l'espèce bactérienne *Curtobacterium flaccumfaciens* qui contient plusieurs pathogènes de plantes. Les travaux réalisés ont ouvert des portes vers la compréhension de la pathogénicité dans l'espèce. Ils ont aussi mis en évidence que cette pathogénicité est loin d'être obligée et que ces bactéries jouent des rôles écologiques importants liés au cycle du carbone. Ces aspects sont développés à côté des obligations des projets financés.

Aspects phytopathologiques

Curtobacterium flaccumfaciens pv. *poinsettiae* est un pathogène du poinsettia qui s'est avéré dans le cadre du projet SPF HARMSTAT être fréquent dans la filière wallonne et européenne du poinsettia. Cette filière est transnationale puisque les plants mères et boutures produits en Afrique sont utilisés par des producteurs en Belgique, Allemagne, Pays-Bas, Italie, France et Danemark avant d'alimenter le marché belge à la période de Noël.

L'isolement de plusieurs centaines de *Curtobacterium* et un test de pathogénicité qui provoque le craquement du pétiole de la feuille ont permis de détecter les souches pathogènes, et des analyses génétiques ont montré qu'elles possédaient toutes un petit fragment d'ADN spécifique qui a pu être localisé dans un plasmide. Les plasmides sont des petits morceaux d'ADN généralement circulaires rencontrés à côté du chromosome dans la cellule bactérienne ; ils peuvent être transférés « horizontalement » à une autre bactérie proche ou plus éloignée génétiquement. Trois plasmides apparentés portant les mêmes gènes de virulence ont finalement été purifiés et séquencés. Ces séquences ont permis la mise au point de tests génétiques d'identification PCR et LAMP spécifique à *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *poinsettiae* qui détectent un gène de virulence codant pour une polygalacturonase. Les polygalacturonases sont des enzymes qui dégradent la pectine.

Quatre nouveaux types européens de *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *poinsettiae* isolés en Wallonie ont déjà été décrits et ils diffèrent des trois types américains initialement décrits. Une diversité génétique marquée existe au sein du pathovar *poinsettiae* car toutes ces souches sont éparpillées dans deux espèces génomiques différentes dans *Curtobacterium flaccumfaciens* (des groupements génétiques bien distincts mais non élevés au rang d'espèce). Les tests de détection de plasmides du CRA-W identifient correctement cinq autres types européens pathogènes. Le séquençage de sept nouveaux plasmides confirme le rôle dans la pathogénicité de six d'entre eux, et le risque de leur transfert ; il questionne ce rôle pour un plasmide inédit.

L'hétérogénéité génétique existant au sein des cinq pathovars décrits dans *Curtobacterium flaccumfaciens* posait question depuis des décennies. Les travaux du CRA-W apportent une explication rationnelle à cette diversité car ils laissent voir que le transfert à une souche initialement non-pathogène d'un plasmide de pathogénicité spécifique à un pathovar rend cette souche pathogène et qu'elle devient alors membre du pathovar en question, même si elle est

génétiqnement distante de la souche donneuse. En présence d'une souche pathogène, il existe donc un risque d'apparition de nouveaux types pathogènes par transfert du plasmide de pathogénicité.

Une grande partie de 1.258 *Curtobacterium* de légumineuses isolés dans le cadre du projet SPF CurtoALERT ont été testés pour le plasmide de pathogénicité du poinsettia. On n'a pas trouvé ainsi de réservoirs de plasmides de pathogénicité du poinsettia.

Les travaux ont également montré que des tests PCR utilisés depuis plus de 20 ans pour identifier la bactérie de quarantaine de l'UE *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* pathogène du haricot détectent en fait des séquences trouvées dans trois autres plasmides qui contiennent d'autres gènes de virulence spécifiques cette fois au pathovar *flaccumfaciens*. Cela montre « l'universalité » de la découverte que des plasmides spécifiques sont responsables de la pathogénicité et du transfert de la pathogénicité à des souches hétérogènes dans l'espèce *Curtobacterium flaccumfaciens*. Cela souligne aussi le danger que représenterait l'introduction d'une souche de *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* porteuse d'un plasmide de pathogénicité dans l'UE car des souches indigènes non pathogènes pourraient le devenir suite à l'acquisition du plasmide de pathogénicité par transfert horizontal depuis la souche pathogène introduite dans l'UE.

Le récent isolement de cinq souches de *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* en Wallonie dans le cadre du projet CurtoALERT amène à se poser des questions sur les plasmides présents chez ces souches et leur propagation aux souches wallonnes.

Aspects liés au sol

Les études sur blé, poinsettia et légumineuses ont montré que des *Curtobacterium flaccumfaciens* très variés et d'autres espèces de *Curtobacterium* y sont très abondants et que la très grande majorité des souches n'a pas de plasmide de pathogénicité et est non pathogène. Cette diversité semble refléter la grande diversité des *Curtobacterium* mise en évidence par d'autres équipes au niveau de la litière dans le sol sur tous les sites étudiés, où les *Curtobacterium* participeraient à la dégradation de la matière organique des plantes mortes dans des communautés de litière. Cela semble très probable compte tenu du fait que les *Curtobacterium* possèdent un nombre considérable de gènes ayant pour fonction la dégradation de polysaccharides structurels des végétaux. Ils joueraient donc un rôle clé dans le cycle du carbone. La décomposition des polysaccharides de la litière intervient dans la perte de carbone par le sol par libération de CO₂ dans l'atmosphère, où il est à nouveau assimilable par les plantes et où il participe à l'effet de serre.

Notre étude met en corrélation des phases de vie endophyte dans des plantes vivantes diverses et dans des plantes mortes où ces bactéries participeraient à la dégradation des tissus végétaux dans la litière. Le changement d'habitat de la plante vivante à la plante morte se fait naturellement avec la mort de la plante. Les souches de la litière peuvent aussi coloniser une nouvelle plante puisqu'une équipe brésilienne a montré que *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* vivant dans des débris de culture de haricot était retrouvé sans symptôme dans la culture suivante du système de rotation. L'occurrence généralisée de ces transitions d'habitat est suggérée par la grande diversité des *Curtobacterium* dans les microbiomes du poinsettia et du blé mise en évidence au CRA-W.

La coexistence de populations très variables de *Curtobacterium* dans la litière ou dans un hôte commun pourrait également être un facteur écologique clé expliquant la constitution des populations des différentes espèces de *Curtobacterium* : des contacts relativement fréquents et des échanges d'ADN plasmidique et génomique entre des souches éloignées pourraient avoir lieu. Comme la maladie ne semble être ni une étape nécessaire, ni une pression sélective chez ces espèces, l'évolution pourrait se produire par des pertes et des gains de caractères motivés principalement par les contraintes de la vie dans les systèmes vasculaires de multiples hôtes et dans des tissus végétaux morts, avec certaines combinaisons défavorables à seulement certains hôtes. Des adaptations des populations de litières à des changements environnementaux ont été démontrées par une équipe.

L'intérêt écologique des plantes à héberger diverses populations de *Curtobacterium* n'est pas clair mais des interactions positives directes avec des plantes ont été mises en évidence par d'autres équipes. Certains *Curtobacterium* stimulent la défense des plantes contre le stress salin ou favorisent la croissance des plantes. Des souches de *Curtobacterium flaccumfaciens* réduisent les symptômes de *Xylella fastidiosa* ou induisent une résistance systémique chez le concombre. Le rôle des *Curtobacterium* dans la décomposition de polysaccharides de la litière menant au final à la libération de CO₂ gazeux, qui est la source de carbone assimilée par les plantes, n'est donc pas leur seul intérêt potentiel pour les plantes.

La caractérisation des populations isolées au CRA-W de blé, de poinsettia et de légumineuses dans le cadre des projets SPW ANTAGONIST et SPF HARMSTAT et CurtoALERT, et leur comparaison aux populations de litières, est toujours en cours.

Financement : Fonds propres

[Bultreys, A. & Gheysen, I. \(2024\). High Diversity of *Curtobacterium flaccumfaciens* in *Poinsettia* and Detection of Three Pathogenicity Plasmids for Identification of *C. flaccumfaciens* pv. *poinsettiae*. *Phytobiomes Journal*, **8**: 378-400.](#)