



INSTITUT DE FRANCE
Académie des sciences

Comptes Rendus

Biologies


Michel Delseny

How did mycorrhizal fungi appear?

Volume 343, issue 3 (2020), p. 219-220

Published online: 4 February 2021

<https://doi.org/10.5802/crbio.27>

 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



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

How did mycorrhizal fungi appear?

Comment les champignons mycorrhiziens sont-ils apparus ?

Michel Delseny^{®*}, ^a

^a Laboratoire Génome et Développement des Plantes, UMR5096 CNRS-UPVD,
Université de Perpignan via Domitia, 66860 Perpignan, France

E-mail: delseny@univ-perp.fr

Manuscript received and accepted 23rd October 2020.

Fungi species are extraordinarily diversified. They have very different lifestyles (saprotrophic, parasitic, pathogenic, endophytic, symbiotic as ecto or endomycorrhizal) which are found in all lineages such as mucoromycotina, ascomycota and basidiomycota. Mycorrhizal fungi play a crucial role in ecosystems by facilitating the nutrition of plants and their adaptation to the environment. Mycorrhization has appeared several times, independently, during evolution and is a fantastic example of convergent evolution amongst species belonging to different lineages. Genomic tools now allow one to investigate what genomic changes are associated with the acquisition of this way of life, when do they occur and how do they contribute to the performance of these species.

An international consortium including INRAE, CNRS and University of Lorraine labs, addressed these questions and now reports on the sequencing and comparison of 135 fungi genomes, including 62 mycorrhizal ones belonging to different lineages [1]. This sample represents the largest compar-

ison currently available. Main characteristics of these genomes are first described: size, assembly quality, predicted gene numbers, mycorrhiza specific genes numbers, transposable element numbers. Then a detailed phylogenetic analysis allowed the authors to establish the relationship between the various lineages and to estimate their dates of divergence. This demonstrated that mycorrhizal fungi clearly evolved from ancestral saprotrophic fungi. However, despite their evolutionary divergence, mycorrhizal species display common characteristics which illustrate how the transition from a saprotrophic habit to symbiosis did occur. Genomes from mycorrhizal species have preferentially lost genes for plant cell wall degrading enzymes. Ancestral saprotrophic species genes have been re-used to provide novel functions in mycorrhizal species. Novel genes also appeared and have often undergone species-specific expansion, such as those for small secreted proteins. Finally, mycorrhizal species have larger genomes and have been invaded by transposable elements. It remains to extend these observations to a larger sample and to determine the origin and function of mycorrhizal specific genes.

* Corresponding author.

French version

Les champignons regroupent des espèces extraordinairement diversifiées. Leurs modes de vie, souvent très différents (saprophytes, parasites, pathogènes, endophytes, symbiotes ecto ou endomycorhiziens) se retrouvent dans les différentes classes que sont les mucorales, les ascomycètes et les basidiomycètes. Les champignons mycorrhiziens jouent un rôle fondamental dans les écosystèmes en facilitant la nutrition des plantes et leur adaptation à l'environnement. La mycorrhization est apparue à plusieurs reprises au cours de l'évolution et constitue un fantastique exemple d'évolution convergente entre des lignages divergents. Son étude est maintenant possible grâce au développement de la génomique. Quels changements génomiques ont accompagné l'acquisition de ce mode de vie? Quand se sont-ils produits? Comment contribuent-ils aux performances de ces espèces?

Un consortium international, auquel ont participé l'INRAE, le CNRS et l'université de Lorraine, a abordé ces questions en séquençant et comparant les génomes de 135 espèces de champignons, dont 62 sont des espèces mycorrhiziennes appartenant aux différents lignages [1]. Cet échantillonnage représente la plus large comparaison actuellement disponible. Les principales caractéristiques de ces génomes sont rapportées : taille, qualité de l'assemblage, nombre de gènes prédits, nombre de gènes spécifiques de chaque espèce, nombre d'éléments transposables... Les auteurs se sont livrés à une analyse phylogé-

nétique détaillée qui a permis d'établir les relations entre les différents phylums et d'estimer leurs dates de divergence. Manifestement, les espèces mycorrhiziennes ont évolué à partir d'espèces saprophytes et l'étude illustre les événements qui ont accompagné cette transition entre saprophytisme et symbiose. Malgré leurs divergences évolutives, les espèces mycorrhiziennes présentent des caractéristiques communes. Elles ont préférentiellement perdu les gènes des enzymes de dégradation de la paroi des plantes. Un certain nombre de gènes des saprophytes ancestraux y ont été réutilisés pour assurer de nouvelles fonctions. De nouveaux gènes y sont apparus et y ont souvent subi une expansion espèce-spécifique, comme ceux de petites protéines sécrétées. Enfin, les espèces mycorrhiziennes présentent des génomes plus gros et ont été envahies par des éléments transposables. Il reste à généraliser ces observations, en élargissant l'échantillonnage, et à déterminer l'origine et les fonctions des gènes spécifiques des mycorrhizes.

References

- [1] S. Miyauchi *et al.*, "Large-scale genome sequencing of mycorrhizal fungi provides insights into the early evolution of symbiotic traits", *Nature Communications* **11** (11), article no. 5125 (17 pages).