

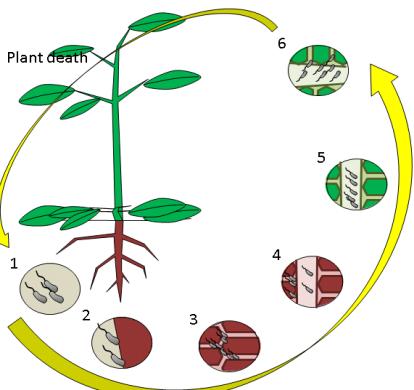
# Comparaison de réseaux métaboliques de bactéries phytopathogènes



Ludovic COTTRET, Caroline BAROUKH, Stéphane GENIN  
 Laboratoire des Interactions Plantes-Microorganismes (LIPM), INRA TOULOUSE  
 Contact : ludovic.cottret@toulouse.inra.fr

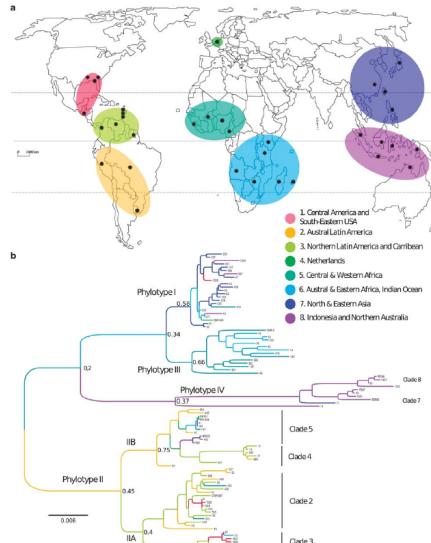


## Ralstonia solanacearum, une des bactéries détruisant le plus de plantes dans le monde



Source : Rémi Peyraud

*R. solanacearum* est une Beta Protéobactérie. Présente dans le sol, elle infecte le xylème des plantes, causant une pourriture bactérienne. Elle a un large spectre d'hôtes à travers le monde, notamment des plantes d'intérêt agronomique comme la pomme de terre, le tabac et la banane. Le réseau métabolique ainsi que le réseau de régulation de la virulence ont été reconstruits récemment au LIPM (Peyraud et al, Plos Pathogens 2017 et Nature Communications, 2018)

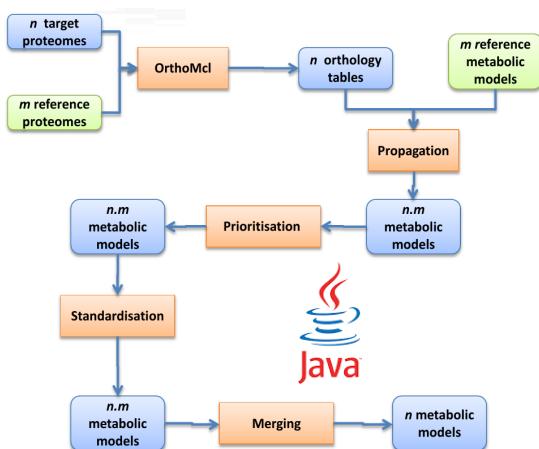


Les espèces de *Ralstonia* sont réparties en quatre phylotypes qui correspondent à des régions géographiques distinctes. Nous voulons comparer le réseau métabolique de 23 espèces de *Ralstonia* à travers le monde et répondre à ces questions :

- Y-a-t-il des différences entre leur métabolisme ?
- Existe-t-il un lien entre le phylotype et le métabolisme ?
- Existe-t-il un lien entre le métabolisme et le style de vie ?

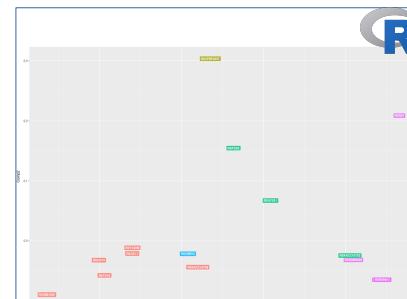
Wicker et al. Contrasting recombination patterns and demographic histories of the plant pathogen *Ralstonia solanacearum* inferred from MLSA. The ISME Journal. 2011.

## Multi-reconstruction de réseaux métaboliques

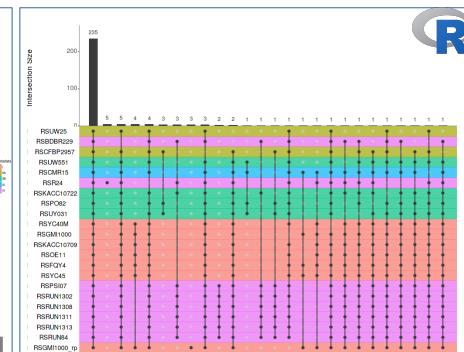


Notre approche se base sur les orthologues identifiés entre nos 23 réseaux cibles et 5 références choisies pour la qualité de leur reconstruction ou/et leur proximité phylogénétique avec *Ralstonia*. Les références sont ordonnées en fonction de ces critères et cet ordre est considéré au moment de choisir le lien entre protéines et réactions.

## Comparaison du contenu métabolique de 18 Ralstonia

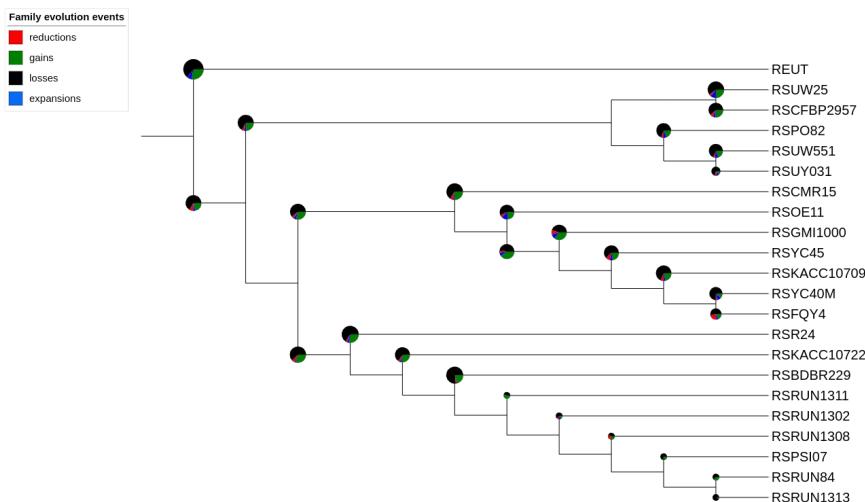


Analyse factorielle des correspondances basées sur le contenu en réactions des 23 espèces de *Ralstonia*. Chaque couleur correspond à un phylotype différent.

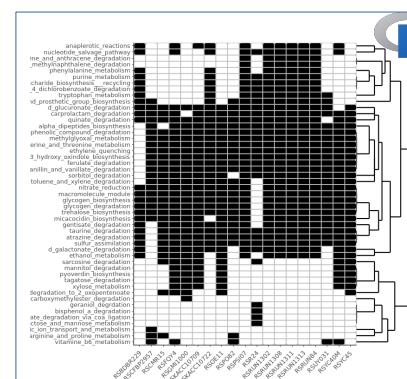


Intersection des ensembles de voies métaboliques identifiées chez les 23 espèces de *Ralstonia*.

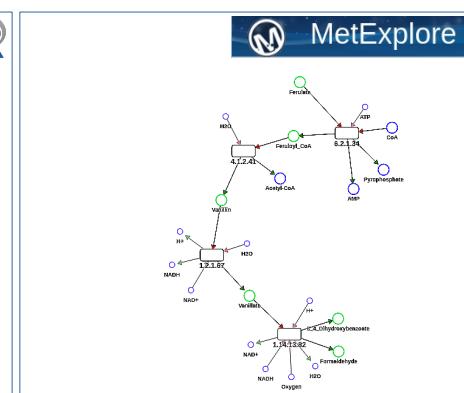
## Evolution de la taille des familles multigéniques



Estimation avec Count des événements d'expansion, de réduction, d'apparition et de disparition des familles de gènes métaboliques et non métaboliques.



Heatmap des voies métaboliques identifiées chez les 23 espèces de *Ralstonia*.



Visualisation avec MetExplore de sous-réseaux spécifiques à certaines espèces de *Ralstonia*.

## Perspectives

- Nettoyage manuel des reconstructions
- Analyse de balance des flux
- Test d'autres méthodes d'inférence des orthologues
- Reconstruction de génomes et de réseaux ancestraux