



Racine de peuplier saine massivement colonisée par différents types de champignons (symbiotiques, saprotrophes, endophytes). Les cellules végétales apparaissent en rouge tandis que les champignons sont colorés en vert. Image obtenue par microscopie confocale à balayage laser (©F. Fracchia - INRAE).

Role of Poplar defense phytohormones in controlling the root microbiome

Responsable scientifique : Aurélie DEVEAU, UMR Interactions Arbres/Micro-organismes (IAM)

Partenaires Labex : C. Plain (UMR Silva), C. Veneault-Fourrey, F. Fracchia, L. Mangeot-Peter (UMR IAM)

Contexte —

Les microorganismes jouent un rôle important dans le fonctionnement des écosystèmes forestiers. En effet, les champignons et les bactéries des sols alimentent les sols et les arbres en nutriments en dégradant la matière organique emprisonnée dans les tissus des végétaux et des animaux morts, et en libérant des minéraux contenus dans les roches et les sédiments. De plus, certains champignons et certaines bactéries s'associent directement aux racines des arbres et participent à leur nutrition minérale, stimulant ainsi leurs croissances. Ces micro-organismes améliorent également la résistance des arbres aux maladies aux stress environnementaux. Si il est certain que les arbres ont la capacité de sélectionner, pour une part, les microorganismes avec lesquels ils s'associent (leurs microbiomes), les mécanismes impliqués dans cette sélection sont mal connus pour le moment.

Objectifs —

Analyser les mécanismes par lesquels les arbres contrôlent leurs microbiomes. Nous avons testé en particulier si les voies de défenses employées contre les pathogènes ont une activité plus large consistant à contrôler l'ensemble du microbiome racinaire. Nous avons utilisé le peuplier comme système modèle.

Démarche —

Nous avons développé des lignées transgéniques de peupliers qui seront altérées dans leurs capacités à produire ou percevoir différentes phytohormones de défense. Nous analyserons ensuite la composition du microbiome racinaire des lignées cultivées en laboratoire confiné et nous le comparons à celui de la lignée sauvage.

Résultats marquants —

- Des lignées de peuplier *Populus tremula alba* 717-1B4 surexprimant ou réprimées pour l'expression de gènes impliqués dans la perception ou la synthèse de l'acide salicylique (*npr1*), de l'acide jasmonique (*jaz6*), de l'éthylène (*ap2*), de l'acide gibberellique (Gibberelline oxidase, *della*), des terpènes (terpènes oxidases) ont été générées et l'altération de l'expression a été validée pour au moins 3 lignées pour chaque construction.
- Un système de culture miniaturisé de plantules en sol naturel a été développé permettant le suivi de la colonisation microbiennes des racines par microscopie confocale et séquençage haut débit (amplicons, métatranscriptomique)
- Le système racinaire de plantule sauvage est colonisé massivement dans un premier temps par des bactéries et des champignons saprotrophes et endophytes qui sont ensuite remplacés, après une dizaine de jours, par plusieurs vagues de champignons mutualistes (endomycorhiziens et ectomycorhiziens).
- Le blocage de la perception de l'acide jasmonique semble favoriser l'établissement des champignons mutualistes (endo- et ectomycorhiziens) au détriment des endophytes. Toutefois, ce blocage ne bénéficierait qu'à certaines espèces de champignons mutualistes.

Principales conclusions incluant des points-clés de discussion —

Les données préliminaires obtenues suggèrent que le microbiome racinaire s'établit en deux temps : un premier temps au cours duquel des espèces opportunistes à forte croissance colonisent rapidement et abondamment les racines. Après quelques jours, des mécanismes à définir (compétition interspécifique ? Immunité de la plante ?) se mettent place et conduisent à limiter le développement de ces microorganismes au profit de microorganismes mutualistes. L'analyse, en cours, de la dynamique de colonisation des systèmes racinaires des lignées mutantes générées permettra d'identifier si les phytohormones de défenses sont impliquées dans ces mécanismes de sélection.

Perspectives — Une thèse, soutenue par Lorraine Université d'Excellence et débutée en juin 2019, a pour objectif d'analyser l'impact de l'altération des différentes voies de signalisation phytohormonales dans la formation et l'activité du microbiome racinaire.

Valorisation —

- Thèse L. Mangeot-Peter. Effet des facteurs biotiques et abiotiques influant sur la structuration de la composition du microbiome racinaire du Peuplier. Université de Lorraine. Soutenance prévue le 3 mars 2020
- Poster conférence IX AFEM (Bussang, France, 5-8 novembre 2019). Microbial Colonisation Dynamics of Poplar Root Systems. F. Fracchia, L. Mangeot-Peter, C. Veneault-Fourrey, A. Deveau, F. Martin
- Article en cours de préparation : Colonization dynamic of *Populus tremula x alba* roots by soil microbial communities. F. Fracchia, L. Mangeot Peter, C. Veneault-Fourrey, F. Martin, A. Deveau

Effet levier du projet —

Obtention de financements LUE et métaprogramme INRA MEM