

## Évolution expérimentale du microbiote sous sélection de la plante

Responsables scientifiques : Cyril Bontemps / Pierre Leblond, Université de Lorraine UMR Dynamique des génomes et adaptation microbienne (DynAMic) 1128

Partenaires Labex : Frédéric Bourgaud (Dr.), Plant Advanced Technologies, PAT Co., Nancy, Claire Veneault-Fourrey (Dr.), UMR INRAE IAM, Université de Lorraine

Collaborations : Dominique Schneider (Prof.), TIMC-IMAG, Génomique et Evolution des Microorganismes, Université Grenoble Alpes, Michiel Vos (Senior lecturer), European Center for Environment and Human Health, University of Exeter, Great Britain.

Action thématique concernée : *Transversal WP2*

---

### **Contexte** —

Il est maintenant reconnu que la santé et la résilience des arbres et des forêts dépendent de leurs microflore. En étudiant des populations bactériennes d'un microbiote végétal, nous avons montré que ces dernières évoluaient par transferts de gènes<sup>1</sup>. Peu de choses sont en revanche connues sur l'ampleur, la temporalité et les conséquences de ces transferts, les facteurs biotiques qui les influencent et leurs conséquences adaptatives.

### **Objectifs** —

Ce projet visait à décrypter les réponses évolutives et adaptatives qui s'opèrent entre les plantes et leur microbiote. Les objectifs étaient de mieux comprendre i) les innovations génomiques (par exemple, les flux de gènes) se produisant dans une population bactérienne rhizosphérique et ii) les bénéfices que la plante peut tirer d'une population bactérienne diversifiée

### **Démarche** —

Des processus évolutifs ont été mimés par des expériences de conjugaison et lors d'expériences d'évolution expérimentale consistant à cultiver des microorganismes sur plusieurs générations. Les changements évolutifs survenus ont été détectés par comparaison génomique entre souches évoluées et souches ancestrales. L'impact sur la santé des plantes de populations en comparaison aux souches seules a été testé par des tests PGP (Plant Growth Promoting) sur plante.

### **Résultats marquants** —

Marquage de souches permettant leur suivi dans les expériences au long cours

- Identification des conditions de transfert conjugatif (milieux de culture, génotypes)
- Mise en évidence du transfert conjugatif massif entre souches d'une population (2 à 30% du génome est transféré au cours d'un événement unique)
- Modification des gènes de biosynthèse de molécules chez 90 % des conjuguant par rapport aux souches parentales
- Mise en place de tests PGP entre *Streptomyces* et peuplier

### **Principales conclusions incluant des points-clés de discussion —**

Nos résultats sur des conjugaisons bipartites ont permis d'établir que, lors d'un seul événement conjugatif, le transfert de gènes était considérable entre *Streptomyces* et que ce processus évolutif conduisait à une modification des voies de biosynthèse de biomolécules chez plus de 90 % des souches recombinantes. Une première expérience d'évolution expérimentale permettant de mimer ces processus évolutifs sur plusieurs générations n'a pas permis d'observer d'effets supplémentaires par rapport à une simple conjugaison, mais a permis d'affiner le choix de souches et de conditions expérimentales pour de nouvelles expériences. Ces souches évoluées pourront être par la suite testées dans des tests d'interactions avec des peupliers pour lesquels des protocoles de co-culture avec plusieurs souches de *Streptomyces* ont été mis au point lors de ce projet. Nos résultats ont permis de montrer que les transferts de gènes avaient des conséquences importantes dans la diversification métabolique de souches d'une même population et qu'ils participent donc une adaptation rapide dans la rhizosphère en lien avec la plante.

### **Perspectives —**

Ce projet permettra (i) d'estimer les flux de gènes dans une population bactérienne sur plusieurs générations, (ii) de déterminer si la plante stimule les échanges génétiques dans les communautés rhizosphériques, (iii) de tester si la plante choisit un génotype particulier ou plutôt une population diversifiée, et (iv) de tester si les souches bactériennes évoluées apportent un avantage, individuellement ou collectivement, à la plante en termes de santé et de croissance.

### **Effet levier du projet —**

Ce projet permettra de mieux comprendre les interactions existantes entre les plantes et leur microbiote, un facteur clé du bon fonctionnement de la forêt. Il a également posé les bases de futurs axes de recherche et collaborations se basant sur l'évolution expérimentale et les interactions entre plantes et populations bactériennes au laboratoire DynAMic. En prolongement de ces travaux, un financement de thèse a été obtenu (LUE en collaboration avec le laboratoire LCP-A2MC, Metz). Une publication sur nos premiers résultats en cours de rédaction.

<sup>1</sup> Tidjani et al. 2019, mBio. 2019 Sep 3;10(5)