



HAL
open science

Impact de la Domestication sur le Microbiome rhizosphérique chez le blé

Aymé Spor, Agathe Roucou, Florian Fort, Laurent Philippot, Pierre Roumet,
Denis Ville, Cyrille Violle

► **To cite this version:**

Aymé Spor, Agathe Roucou, Florian Fort, Laurent Philippot, Pierre Roumet, et al.. Impact de la Domestication sur le Microbiome rhizosphérique chez le blé. *reseau phytomic*, Nov 2017, Rennes, France. 11 p. hal-02785272

HAL Id: hal-02785272

<https://hal.inrae.fr/hal-02785272v1>

Submitted on 4 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Impact de la Domestication sur le Microbiome rhizosphérique chez le blé

Aymé Spor, Agathe Roucou, Florian
Fort, Laurent Philippot, Pierre
Roumet, Denis Ville, Cyrille Violle



lepse
Montpellier



CENTRE D'ÉCOLOGIE
FONCTIONNELLE
& ÉVOLUTIVE



Contexte

Etude & Valorisation de la diversité intra spécifique 'plante'

- Caractérisation de la variabilité phénotypique disponible (cibles: traits fonctionnels/ Fonctions métaboliques)
- Documentation des effets sélectifs : Evolution de la diversité génétique/ variabilité phénotypique au cours du processus de domestication

Sortie : Mise à disposition de ces connaissances /diversité pour des problématiques d'agro-écologie

Un peuplement dans un contexte agro-écologie: relations diversité -performances

- Performances analysées à travers les fonctions et services écosystémiques délivrés
 - vues non plus à travers le prisme du phénotype de la plante seule (G)
 - Incluent en plus les interactions G*G
 - Diversité Multi-génotypique
 - Relations interspécifiques
 - Interactions avec le microbiome

Contexte

Phénotype étendu = G + G*G

- G*G : définies sur \neq éléments que l'on cherche à optimiser
 - *traits: Complémentarité de niche; apparemment: kin selection*
 - *Importance/ mécanismes?*
 - *+ ?*

Phénotype étendu & idéotype

- G*G: un gap entre les performances du peuplement & des composantes individuelles
 - *Perf. peuplement non prédictible sur la base des composantes individuelles*
 - *un espace nouveau pour aborder la notion d'Idéotype*
aspect combinatoire = exploration d'une plus grande gamme des possibles

Phénotype étendu et adaptation locale: G*G*E

- Agro-écologie : adaptation à un territoire donné
- Question du domaine de validité de ces interactions et de leur reproductibilité

Interactions plante-Microbiome rhizosphérique

Impact de la domestication sur plante Microbiome rhizosphérique ?*

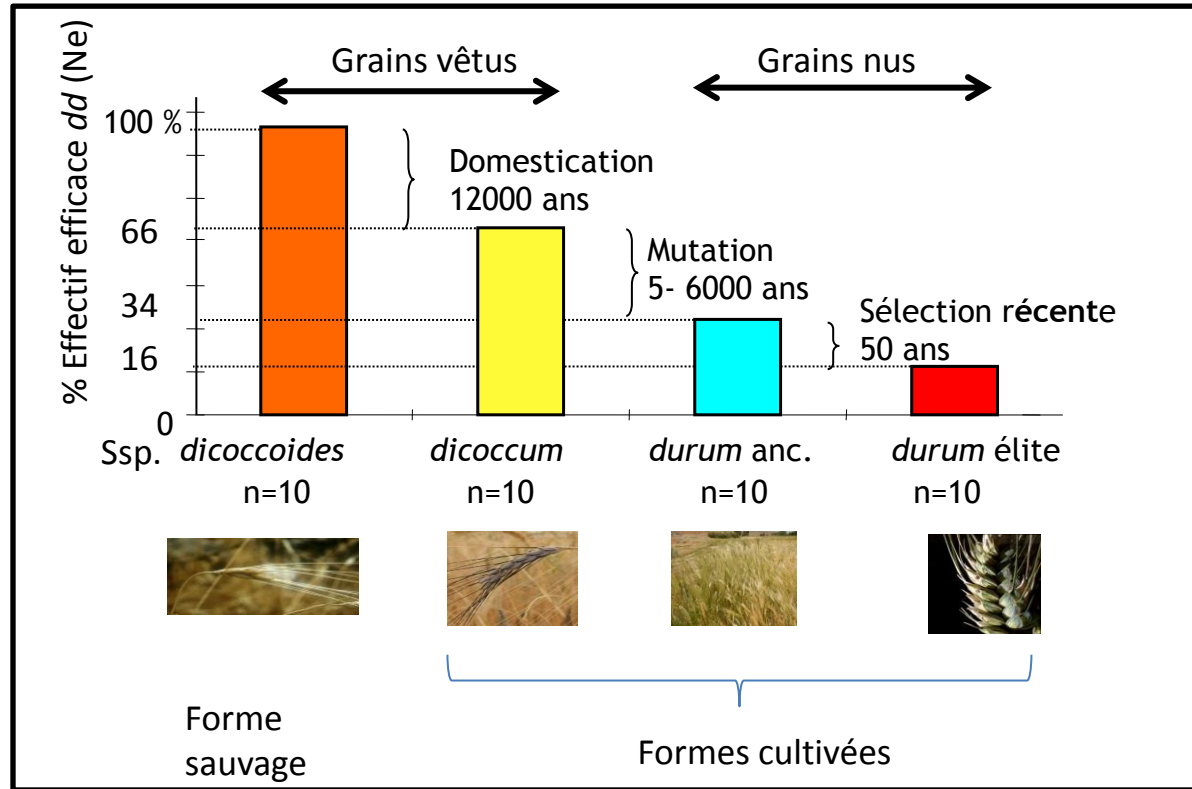
Quel est le rôle de filtre joué par la diversité génétique de la plante?

- Composition du microbiome rhizosphérique au cours de la domestication
- Relations entre Diversité microbiome / Diversité intra et inter sous espèces

Soutien INRA ; Dpt BAP & EA : Projet Idrome (2017-2018)

Interactions plante-Microbiome rhizosphérique

- Cas du blé dur



- Domestication : réduction drastique de la diversité génétique
- Comment cette réduction de diversité va-t-elle affecter les interactions plante*microbiome?

Interactions plante-Microbiome rhizosphérique

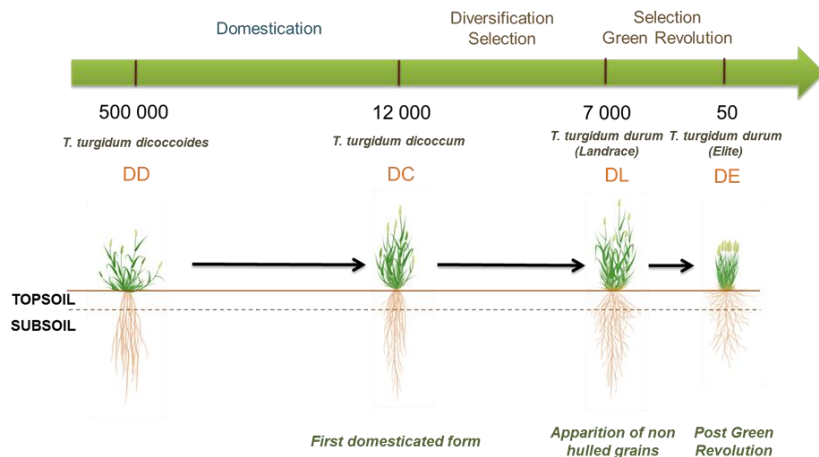
Composition du microbiome: bactéries, champignons

Analyse quantitative des espèces bactériennes impliquées dans le cycle de l'azote

- Matériel Végétal
 - 40 Accessions
 - 4 étapes de l'histoire évolutive de *Triticum turgidum* ssp
- Expérimentation



40 Génotypes
5 Blocs
1 sol « prairial » tamisé

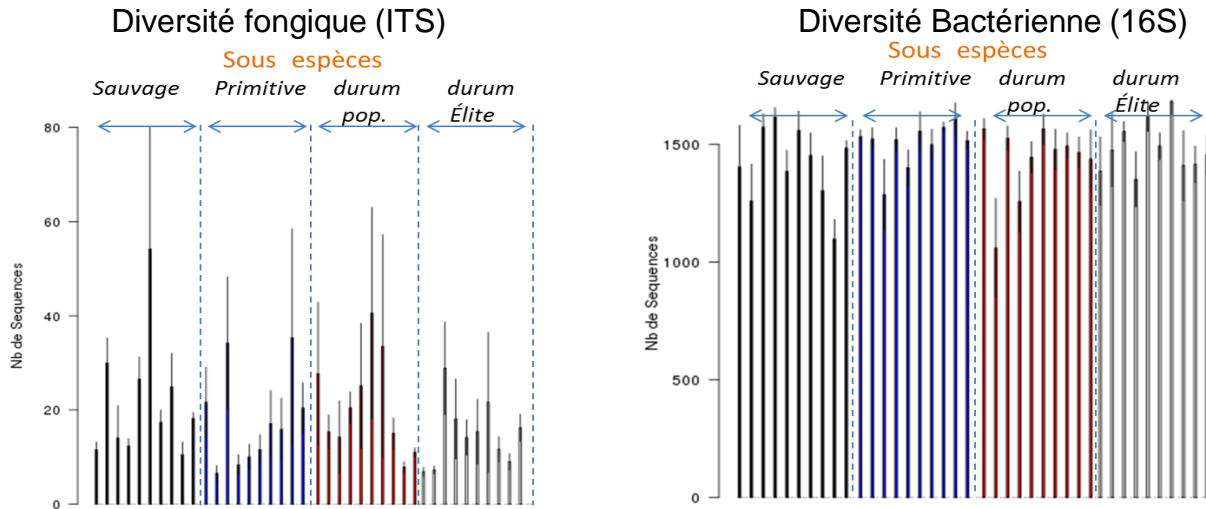


13 traits fonctionnels: racines, feuilles
plante entière, phénologie

(Roucou et al., 2017, J Appl Ecol)

Interactions plante-Microbiome rhizosphérique

- 1ers Résultats: Composition Globale du microbiome rhizosphérique



Quels effets sur la composition globale ?

“ss espèce” : Faible $\approx 4\%$

“Intra-ss-espèce”: ++ $\approx 24\%$

Faible $\approx 3\%$

++ $\approx 26\%$

En cours :

- Mise en parallèle avec les paramètres racinaires/ structure génétique
- Analyse des réseaux de co-occurrence microbiens rhizosphériques
- Zoom sur les guildes microbiennes Impliquées dans le cycle de l'azote

Des éclairages ... des questions

1. Sur les moteurs et les conséquences de la domestication
 - Approche pour acquérir des références sur ces interactions plante * microbiome
pop pré breeding EPO genotypage 420 k SNPs
2. La reproductibilité de ces résultats (sol, génotype)
 - Capitalisation de cette information
 - des effets largement définis à une échelle très locale
 - L'identification de caractéristiques 'plante' impliquée dans les interactions avec le microbiome (traits , exudats -quantité , composition_)
3. Questions de stratégie et des actions à mettre en place pour une 2^e phase ?
 - Collaboratifs ; limite d'hypothèses en intra spécif. traits
 - Actions : évolution expérimentale?
 - Mise en abyme

Liste Genres bactériens avec effets domestication/génotype

Effet Domestication

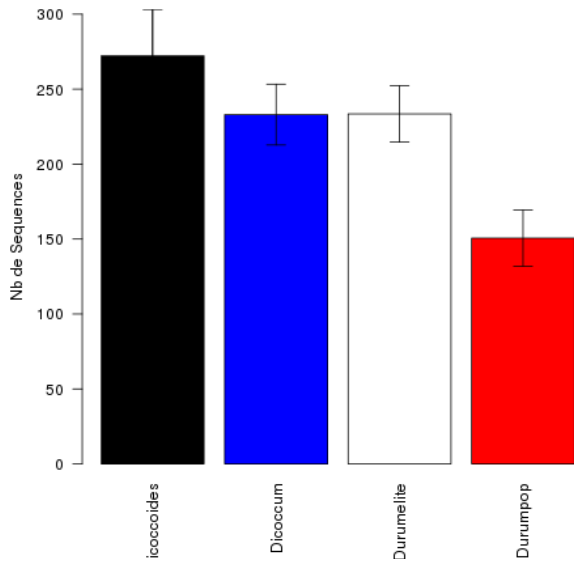
- [1] "Fibrobacteres_Fibrobacteria"
- [2] "Tenericutes_Mollicutes"
- [3] "Fibrobacterès"
- [4] "WPS2"
- [5] "OD1ZB2_"
- [6] "FibrobacteresFibrobacteria_258ds10"
- [7] "ElusimicrobiaEndomicrobia_"
- [8] "WPS2_.1"
- [9] "GemmatimonadetesGemml1"
- [10] "BacteroidetesFlavobacteriiaFlavobacterialesFlavobacteriaceae"
- [11] "ProteobacteriaBetaproteobacteriaBurkholderialesComamonadaceae"
- [12] "GemmatimonadetesGemmatimonadetesEllin5290"
- [13] "AD3JG37AG4"
- [14] "ProteobacteriaAlphaproteobacteriaRhizobialesRhizobiaceae"
- [15] "FibrobacteresFibrobacteria258ds10"
- [16] "ProteobacteriaAlphaproteobacteriaRhizobialesPhyllobacteriaceae"
- [17] "ProteobacteriaBetaproteobacteriaBurkholderialesOxalobacteraceae"
- [4] "ProteobacteriaGammaproteobacteriaAlteromonadalesAlteromonadaceaeCellvibrio"
- [5] "ProteobacteriaAlphaproteobacteriaCaulobacteralesCaulobacteraceaePhenyllobacterium"
- [6] "TenericutesMollicutesAnaeroplasmatalesAnaeroplasmataceaeAsteroleplasma"
- [7] "ProteobacteriaBetaproteobacteriaRhodocyclalesRhodocyclaceae"
- [8] "ProteobacteriaBetaproteobacteriaMethylophilales.Other.Other"

Effet Genotype

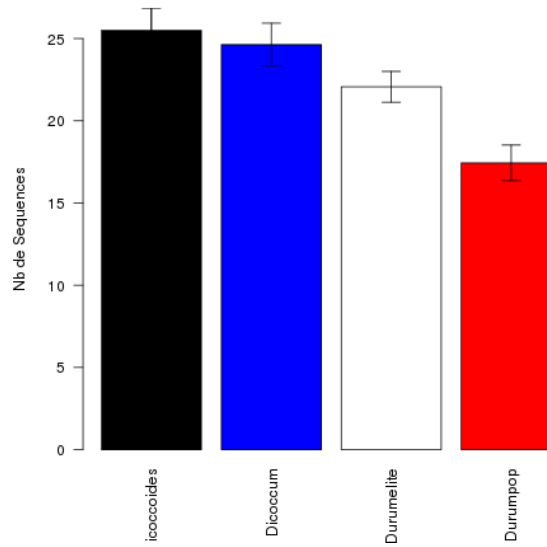
- [1] "Gemmatimonadetes"
- [2] "ProteobacteriaAlphaproteobacteria_Rhizobiales"
- [3] "GemmatimonadetesGemml_"
- [4] "ProteobacteriaBetaproteobacteria_MND1"
- [5] "ActinobacteriaThermoleophilia_Solirubrobacterales"
- [6] "NitrospiraeNitrospiraNitrospiralesNitrospiraceae"
- [7] "VerrucomicrobiaPedosphaeraePedosphaeralesauto67_4W"
- [8] "ActinobacteriaAcidimicrobiiaAcidimicrobialesC111"

16S

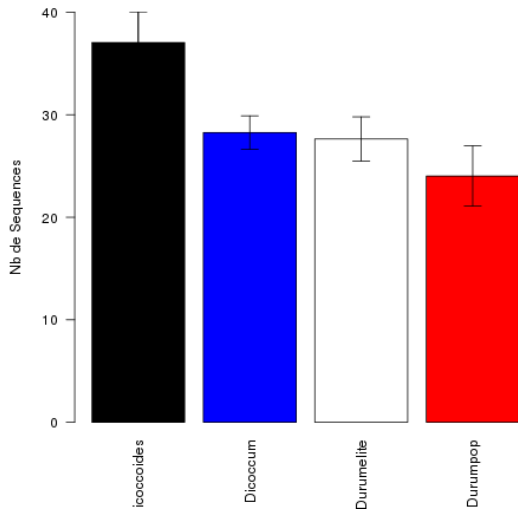
BacteroidetesFlavobacteriiaFlavobacterialesFlavobacteriaceae



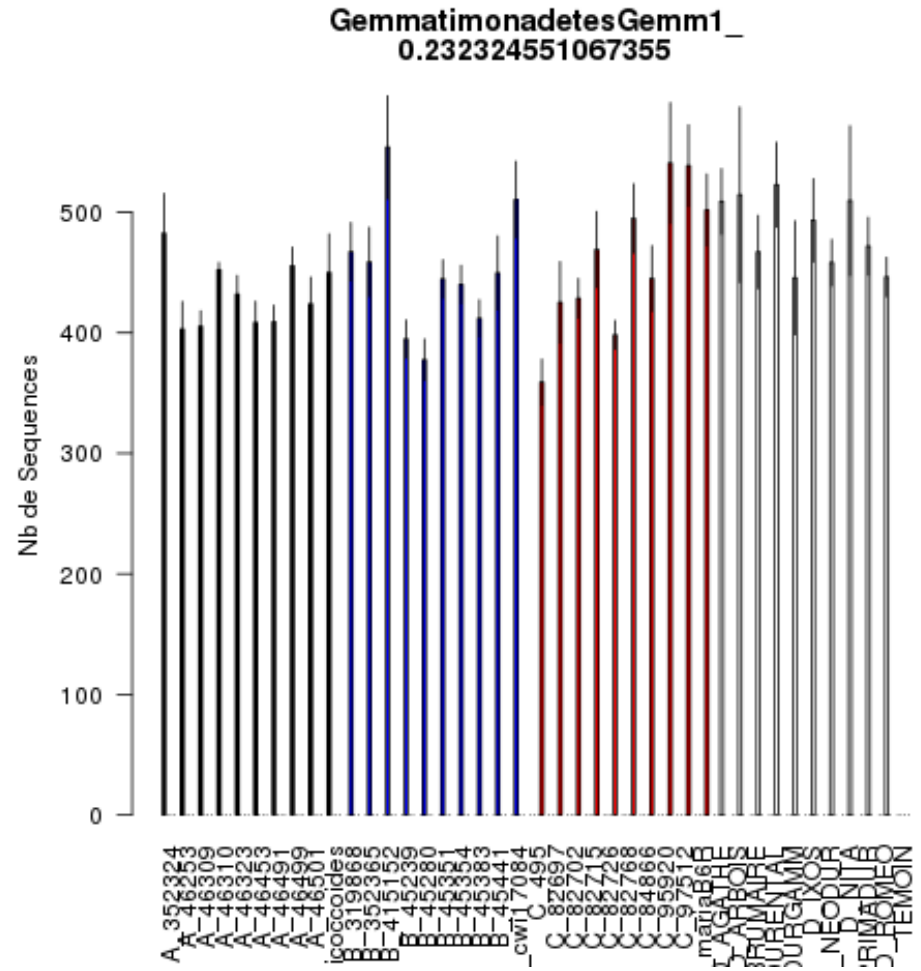
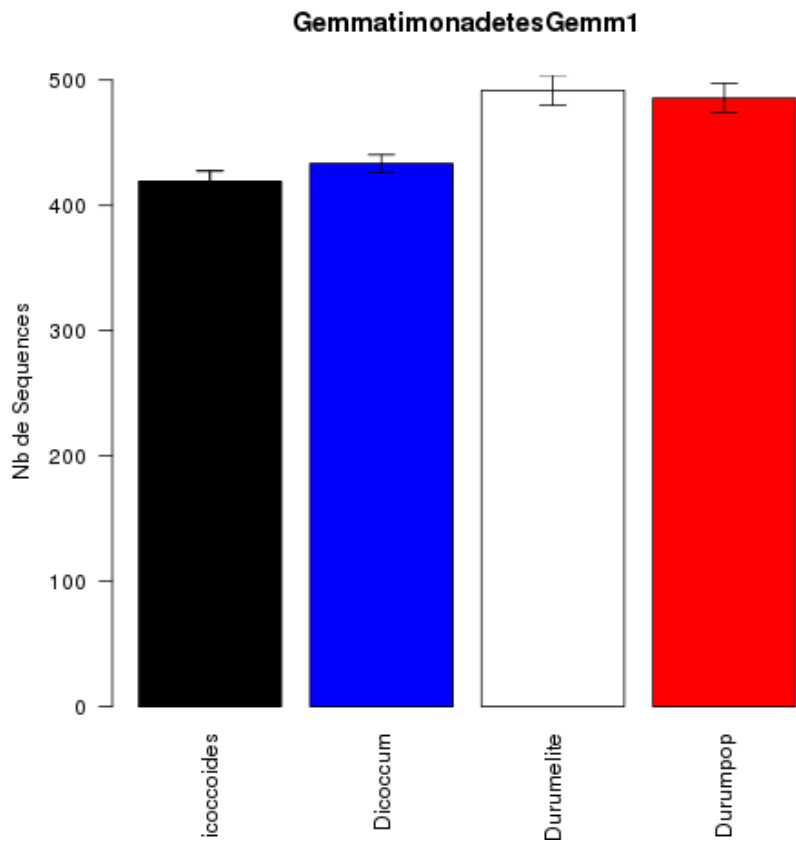
ProteobacteriaAlphaproteobacteriaRhizobialesPhyllobacteriaceae



ProteobacteriaAlphaproteobacteriaRhizobialesRhizobiaceae



=> genres bactériens dont l'abondance dans la rhizosphère est impactée par la domestication (baisse d'abondance dans les lignées "modernes")



=> Augmentation de l'abondance des gemmatimonadetes dans les lignées modernes, mais variance génotypique intra sous-espèces fortes (héritabilité au sens large ~23%)