



HAL
open science

Le microbiote des racines de peuplier : dynamique, régulation et interactions

Aurélie Deveau, Félix Fracchia, Claire Veneault-Fourrey

► To cite this version:

Aurélie Deveau, Félix Fracchia, Claire Veneault-Fourrey. Le microbiote des racines de peuplier : dynamique, régulation et interactions. PHARE - Journées interdisciplinaires - Phases précoces du parasitisme tellurique et communication via l'exsudation racinaire, Nov 2021, Sofia Antipolis, France. ⟨hal-03460823⟩

HAL Id: hal-03460823

<https://hal.inrae.fr/hal-03460823v1>

Submitted on 1 Dec 2021

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.



HAL Authorization

Dynamique de colonisation des racines du peuplier par son microbiote et mécanismes de régulation

Le microbiote des racines de peuplier : dynamique, régulation et interactions

Aurélie Deveau, Félix Fracchia, Claire Veneault-Fourrey

Laboratoire Interactions Arbres-Microorganismes (IAM), INRAE Nancy Grand Est -
Université de Lorraine, 54280 Champenoux

Les systèmes racinaires des arbres sont colonisés par des communautés microbiennes complexes essentiellement composées de bactéries et de champignons. Ces microorganismes participent à la nutrition et à la croissance des arbres ainsi qu'à leur résistance aux stress biotiques et abiotiques. Si les mécanismes moléculaires régulant la colonisation des racines des arbres par certains micro-organismes modèles (i.e. symbiotes mycorhiziens, pathogènes) sont aujourd'hui relativement bien caractérisés, les processus de régulation de la colonisation du système racinaire par les différents acteurs microbiote sont pour le moment méconnus.

Afin de comprendre comment l'arbre régule la colonisation de son système racinaire par le microbiote du sol, nous utilisons le peuplier comme modèle d'étude. Celui-ci a la particularité d'être colonisé à la fois par des bactéries, des champignons ectomycorhiziens, des champignons à arbuscule et des champignons endophytes. De plus, il s'agit de l'une de rares espèces d'arbre pour laquelle des manipulations génétiques et la multiplication *in vitro* soient possibles.

Nous avons mis au point un dispositif en mésocosme permettant le suivi de la colonisation de racines naïves par des communautés complexes naturelles de bactéries et de champignons. En combinant microscopie confocale et métabarcoding, nous avons montré que la colonisation des racines se faisait en 3 vagues successives impliquant différentes guildes trophiques. Nous faisons l'hypothèse que différents mécanismes régulent cette colonisation successive : exsudats racinaires, échanges de molécules signales et régulation hormonale. Afin de tester cette hypothèse nous avons généré des lignées surexpresser et RNAi du peuplier pour lesquels nous étudions la dynamique de colonisation racinaire par les micro-organismes ainsi que les profils d'exsudation racinaire et de métabolome.