



Illustration d'un pock.

La flèche noire sur cette photographie de boîte de Pétri montre un pock résultant du retard de croissance induit par la diffusion d'un élément conjugatif d'une bactérie donatrice (au centre du pock) dans un tapis de bactérie receveuse. Chaque pock correspond ici à un événement de conjugaison.

Interplay between lateral gene transfer in bacteria and rhizosphere functioning

Responsables scientifiques : Cyril BONTEMPS/Pierre LEBLOND, UMR Dynamique des génomes et adaptation microbienne (DynAMic)

Partenaires Labex : Claire Fourrey, UMR Interactions Arbres/Micro-organismes IAM

Collaborations : Michiel VOS (Univ. Exeter)

Contexte —

Le microbiote des plantes a un rôle majeur sur la santé des arbres en participant, par exemple, à leur croissance ou à la défense contre des pathogènes. D'une manière générale, plus un microbiote est divers, plus il est efficace pour son hôte. Des résultats suggèrent qu'un niveau d'organisation de cette diversité pourrait se situer au niveau des populations bactériennes, c'est-à-dire chez des souches sœurs qui interagissent entre elles dans la niche, mais avec potentiellement des capacités différentes. Ces fonctions variables, liées à la diversification génétique de la population, permettraient un partage du travail et d'avoir une action synergique. En retour, les exsudats racinaires de la plante influenceraient le microbiote en augmentant la fréquence de transferts de gènes et permettraient l'émergence de nouvelles fonctions au sein de la population.

Objectifs —

Le premier objectif de ce projet est de mesurer l'effet de la rhizosphère sur les phénomènes de transferts de gènes et leurs conséquences sur la diversification d'une population de *Streptomyces*. Le second est de comparer l'influence et l'efficacité de populations de *Streptomyces* par rapport aux isolats seuls pour des fonctions liées à la santé et à la croissance des arbres.

Démarche —

Une population de *Streptomyces* faisant partie du microbiote d'un arbre est disponible au laboratoire. Le génome de certaines souches est séquencé et leur comparaison a révélé une grande diversité génétique et potentiellement fonctionnelle. Des éléments conjugatifs ont été associés à la genèse de cette diversité (Tidjani *et al.*, 2019). Chez les *Streptomyces*, leur transfert se traduit par un retard de croissance de la souche réceptrice observable à l'œil nu en boîte de Pétri (cf illustration). Ce phénomène permettra de quantifier directement l'influence de la plante (rhizosphère, exsudats) sur l'intensité du transfert de gènes au sein de la population.

Les éléments conjugatifs des *Streptomyces* pourraient transférer d'autres portions du génome concomitamment à leur propre transfert. Afin de voir si ce mécanisme est à l'origine de la grande diversité génétique observée au sein de notre population, des conjugaisons seront réalisées avec des souches marquées à différents loci chromosomiques et les transconjugants analysés par reséquençage. Concernant le second objectif, nos souches seront testées en interaction avec des systèmes racinaires ou mimant la rhizosphère pour la croissance directe ou indirecte de plantes modèles (développement racinaire, solubilisation de minéraux, inhibition de pathogènes). Nous comparerons pour ces différentes fonctions l'effet synergique potentiel de la population par rapport aux souches seules.

Résultats marquants —

- Une cartographie des souches séquencées capables de conjuguer entre elles (121 couples) a été réalisée.
- Différents couples de transfert ont été sélectionnés et des souches marquées sont construites ou en cours de construction afin de mesurer l'ampleur du transfert de marqueur chromosomique lors du transfert conjugatif.

Principales conclusions incluant des points-clés de discussion —

Au cours de cette première année nous avons capitalisé un grand nombre de matériel biologique (souches marquées) et nos premiers résultats renforcent i) l'hypothèse que la conjugaison est un moteur important de l'évolution rapide des génomes de *Streptomyces* et que ii) que le transfert de marqueurs chromosomiques est effectif lors de la conjugaison.

Perspectives —

Des plants de peuplier sont en culture (collaboration avec Claire Fourrey) afin de voir leur influence potentielle sur les transferts et également l'impact des *Streptomyces* sur leur croissance. *In fine*, ce projet permettra de mieux comprendre les interconnexions existant entre les arbres et leur microbiote, paramètre crucial pour l'homéostasie de l'écosystème forestier et sa résilience.

Tidjani A-R, Lorenzi J-N, Toussaint M, van Dijk E, Naquin D, Lespinet O, Bontemps C, Leblond P. 2019. Massive Gene Flux Drives Genome Diversity between Sympatric *Streptomyces* Conspecifics. *mBio* 10.

Valorisation —

Présentation orale :

Caroline Choufa*, Abdoul Razak Tidjani, Michiel Vos, Cyril Bontemps, Pierre Leblond. Diversité et mobilité des éléments conjugatifs au sein d'une population de *Streptomyces* issue d'un micro-habitat rhizosphérique. 15ème congrès de la Société Française de Microbiologie, Sep 2019, Paris, France.

Poster :

Caroline Choufa, Abdoul Razak Tidjani, Claire Veneault-Fourrey, Michiel Vos, Cyril Bontemps, Pierre Leblond. Interplay between lateral gene transfer and rhizosphere functioning. Functional Ecology Conference. Nancy, France Dec 2018.

Effet levier du projet —

Ce projet permet au laboratoire Dynamic d'étendre son champ de compétences en génétique et évolution bactériennes dans un cadre plus écologique et d'orienter notre recherche vers le fonctionnement de l'écosystème forestier. Il a permis dans ce sens d'initier une nouvelle collaboration avec le laboratoire laM pour voir notamment les interactions existant entre les arbres et leur microbiote. Que ce soit au niveau fondamental, voire avec des applications potentielles en lien avec la santé de l'arbre, ce projet devrait permettre d'apporter des pistes pour mieux comprendre l'homéostasie de l'écosystème forestier.