



**Illustration d'un pock.** Un pock (flèche) résulte du transfert d'éléments conjuguatifs entre une souche donneuse de *Streptomyces* (au centre du pock) vers une souche réceptrice (tapis bactérien). Ce transfert induit un retard de croissance chez les réceptrices, permettant de visualiser à l'œil nu les événements de conjugaison dans une population de *Streptomyces*.

## Évolution expérimentale du microbiote sous sélection de la plante

Responsable scientifique : Cyril BONTEMPS / Pierre LEBLOND, UMR Dynamique des génomes et adaptation microbienne (DynAMic) 1128

Partenaires Labex :

- Frédéric BOURGAUD (Dr.), Plant Advanced Technologies, PAT Co., Nancy
- Claire VENAULT-FOURREY (Dr.), UMR Interactions Arbres/Micro-organismes (IAM) 1136

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.

Actions thématique concernées : WP1 / 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 échangeaient massivement des gènes par transfert horizontal<sup>1</sup>. Si ces processus d'évolution rapide sont une clé adaptative, peu de choses sont en revanche connues sur les facteurs biotiques qui les influencent.

### **Objectifs** —

Ce projet vise à décrypter les réponses évolutives et adaptatives qui s'opèrent entre les plantes et leur microbiote. Les objectifs sont de mieux comprendre i) les innovations génomiques (par exemple, les flux de gènes) se produisant dans une population bactérienne sous pression sélective d'une plante et ii) les bénéfices potentiels que la plante pourrait en tirer.

### **Démarche —**

Des processus évolutifs sont mimés par des expériences d'évolution expérimentale consistant à cultiver des microorganismes sur plusieurs générations dans des conditions contrôlées. Ces expériences sont réalisées avec une population rhizosphérique de *Streptomyces* sous pression de sélection de plantes ou de leurs exsudats. Après plusieurs générations, les changements évolutifs seront détectés par comparaison génomique des populations évoluées avec les souches ancestrales. Leur impact sur la santé des plantes (stimulation de la croissance, inhibition de pathogènes, solubilisation de minéraux...) sera testé par des tests PGP (Plant Growth Promoting)

### **Résultats marquants —** (présentés sous forme de puces séparées)

- 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 en expériences (entre 200 kb et 2Mb représentant 2 à 15% de leur génome sont transférés au cours d'un événement unique)
- Mise en place de tests PGP entre *Streptomyces* et peuplier
- Séquençage de premières souches issues d'une expérience d'évolution expérimentale.

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

Les expériences d'évolution expérimentale ont nécessité d'établir des conditions expérimentales optimales et un panel de souches approprié pour assurer leur bon déroulement. Des résultats préliminaires sur des conjugaisons bipartites ont permis d'établir que le transfert de gènes était considérable et pouvait impliquer un transfert jusqu'à 15 % du génome lors d'un événement conjugatif. Une première expérience d'évolution expérimentale a permis de sélectionner des souches évoluées ayant recombinaison entre elles (sélection par échange de marqueurs de résistance antibiotiques). Le génome de ces souches est en cours d'analyse et permettra d'estimer les conséquences évolutives d'une population échangeant des gènes sur plusieurs générations.

### **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 global permettra de mieux comprendre les interactions existantes entre les plantes et leur microbiote, un facteur clé du bon fonctionnement de la forêt. Il posera également les bases de futurs axes de recherche et collaborations se basant sur l'évolution expérimentale au laboratoire DynAMic. En prolongement de ces travaux, un financement de thèse a été obtenu (LUE en collaboration avec le laboratoire LCP-A2MC, Metz).

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