

PROPOSITION SUJET de MASTER 2017-2018

TITRE : Impact de différents génotypes de blé sur la diversité du groupe fonctionnel des bactéries rhizosphériques produisant de l'auxine

Nom, Prénom du Maitre de Stage : Muller Daniel

Qualité : MCU UCBL

Téléphone : 04 72 43 27 14 **E-mail :** daniel.muller@univ-lyon1.fr

Nom, Prénom du co-encadrant : Moëgne-Loccoz Yvan

Qualité : PR UCBL

Téléphone : 04 72 43 13 77 **E-mail :** yvan.moenne-loccoz@univ-lyon1.fr

Laboratoire d'accueil, Responsable et équipe : UMR CNRS 5557 Ecologie Microbienne (Y. Moëgne-Loccoz),
équipe Rhizosphère (resp. C. Prigent-Combaret)

Adresse : Bâtiment Mendel 4^{ème}, 16 rue Raphaël Dubois, 69622 Villeurbanne

Nom du candidat éventuellement proposé :

S'il n'est pas retenu, acceptez-vous un autre candidat ?

Oui - Non

Sujet (objectif, démarche et technique, collaboration(s),...):

Introduction. Au niveau de la rhizosphère, la plante est en interaction avec une communauté microbienne diversifiée et métaboliquement active. Cette communauté inclut de nombreux taxons qui sont susceptibles de favoriser le développement et la santé du végétal, en améliorant la disponibilité de nutriments minéraux importants pour la plante (fixation libre de l'azote, solubilisation du phosphate, etc.), en stimulant la rhizogenèse (synthèse d'auxine, modulation de la synthèse d'éthylène par désamination du précurseur 1-amino-cyclopropane-1-carboxylate, etc.), et/ou en limitant la capacité d'infection des racines par des phytoparasites (production de métabolites secondaires antimicrobiens ou d'enzymes lytiques, etc.). L'expression de ces différentes fonctions phytobénéfiques est régulée par plusieurs facteurs environnementaux, y compris par des propriétés de la plante et notamment les patrons d'exsudation de constituants organiques par les racines, dont on sait qu'ils influencent les processus de colonisation racinaire et l'activité physiologique des microorganismes rhizosphériques. Nous faisons l'hypothèse que l'impact des génotypes végétaux se concrétise également à l'échelle de groupes de microorganismes définis sur la base de propriétés phytobénéfiques (1) particulières (ce qui pourrait entraîner des différences dans la capacité de ces microorganismes à mettre en place leurs effets phytobénéfiques).

Objectif. Ce projet vise à tester l'hypothèse selon laquelle l'abondance et/ou la diversité du groupe fonctionnel des bactéries productrices d'auxine colonisant la rhizosphère sont influencées par le génotype de la plante auxquels ils sont confrontés.

Démarche expérimentale. Ce projet reposera sur l'analyse, dans la rhizosphère du blé, du groupe fonctionnel des bactéries capables de produire des composés auxiniques et donc de moduler le taux de cette hormone chez la plante. La production d'auxine par les bactéries se fait par différentes voies métaboliques tryptophane dépendantes (2). Les voies sont celles de l'indole acétamide avec comme gène clef *iaaM*, de l'indole-3-pyruvate (indole-3-pyruvate décarboxylase [*ipdC*] ou phénylpyruvate décarboxylase [*ppdC*]) ou encore l'oxydation du tryptophane (*tryptophane side oxidase* gène *tso*).

La première étape visera à définir des amorces qui cibleront l'ensemble de la diversité connue des 4 gènes (*iaaM*, *ipdC*, *ppdC* et *tso*), un premier jeu d'amorces étant déjà disponible (3). Ces amorces permettront de quantifier par qPCR l'abondance de ces gènes et d'en déduire la taille du groupe fonctionnel producteur d'auxine. Ceci permettra ensuite de mesurer l'impact de différents génotypes de blé sur les effectifs de ce groupe fonctionnel, en utilisant des blés anciens et modernes (4) cultivés dans un essai agronomique (au champ) à l'INRA Clermont pour le projet ANR BacterBlé (collaboration avec N. Guix et J. Le Gouis, UMR GDEC).

Deuxièmement, à partir des amorces dessinées, l'impact de huit génotypes de blé sur la biodiversité du groupe des producteurs d'auxine sera analysé par séquençage haut-débit Illumina. Les extraits d'ADN rhizosphérique seront ainsi séquencés, et les données de séquençage comparées en utilisant les logiciels disponibles sur la plateforme iBio. L'analyse sera susceptible d'être étendue à d'autres groupes phytobénéfiques selon le temps disponible.

Contexte. Collaborations dans l'UMR CNRS 5557 Ecologie microbienne, avec Jordan Valente et Claire Prigent-Combaret (projet BacterBlé) ainsi que la plateforme iBio pour l'analyse des données de séquençage, et avec l'UMR INRA 1095 GDEC (N. Guix, J. Le Gouis) pour l'essai agronomique. Ce projet pourra faire l'objet d'un prolongement par un sujet de thèse sur la relation entre diversité végétale et diversité des bactéries phytobénéfiques (PGPR).

(1) Bouffaud et al. 2016. Is plant evolutionary history impacting recruitment of diazotrophs and *nifH* expression in the rhizosphere? Sci Rep 6:21690.

(2) Bruto et al. 2014. Analysis of genes contributing to plant-beneficial functions in plant growth-promoting rhizobacteria and related Proteobacteria. Sci Rep 4:6261.

(3) Couillerot et al. 2013. Comparison of prominent *Azospirillum* strains in *Azospirillum-Pseudomonas-Glomus* consortia for promotion of maize growth. Appl Microbiol Biotechnol 97:4639.

(4) Cormier et al. 2016. Breeding for increased nitrogen use efficiency: a review for wheat (*Triticum aestivum* L.). Plant Breeding 135:255.