



➤ Interactions entre les animaux ou les plantes et leur microbiome : comment sélectionner l'holobionte ?

Vision des recherches et perspectives

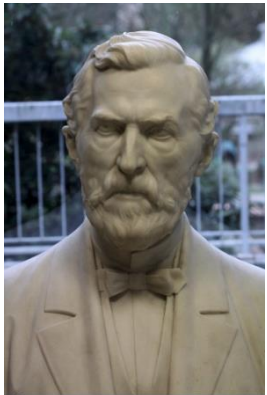
Christophe Mougel



INRAE

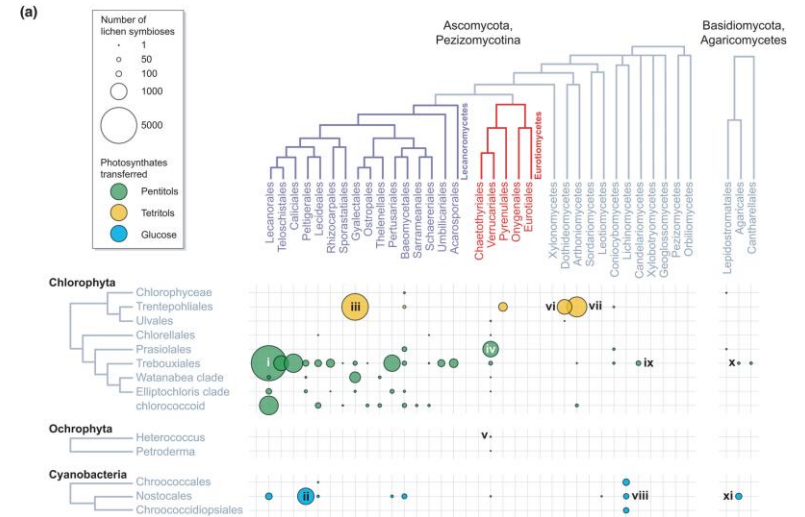


➤ Cadre écologique : symbiose

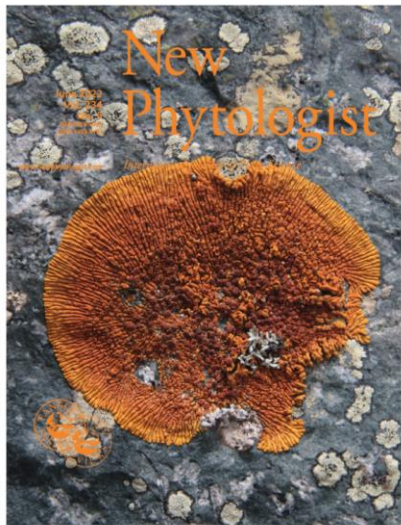


Anton de Bary (Institut de Botanique, Strasbourg)

Heinrich Anton de Bary émet l'hypothèse en 1866 que le lichen est issu d'une association intime entre une algue et un champignon. Il introduit le terme **symbiosis** en 1879 pour rendre compte de cette « **association vivante entre espèces différentes** ».



Spribille et al., <https://doi.org/10.1111/nph.18048>



INRAE

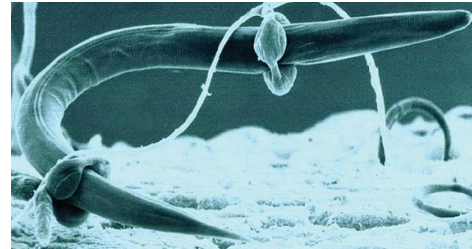
Christophe MOUGEL

➤ Les interactions entre organismes: une vision souvent dual

Compétition
(-/-)



Prédation
(-/+)

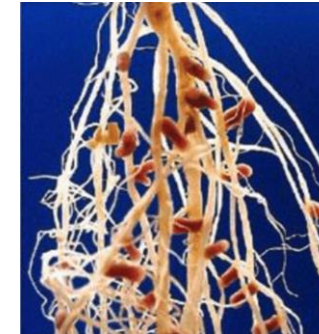


Parasitisme
(-/+)

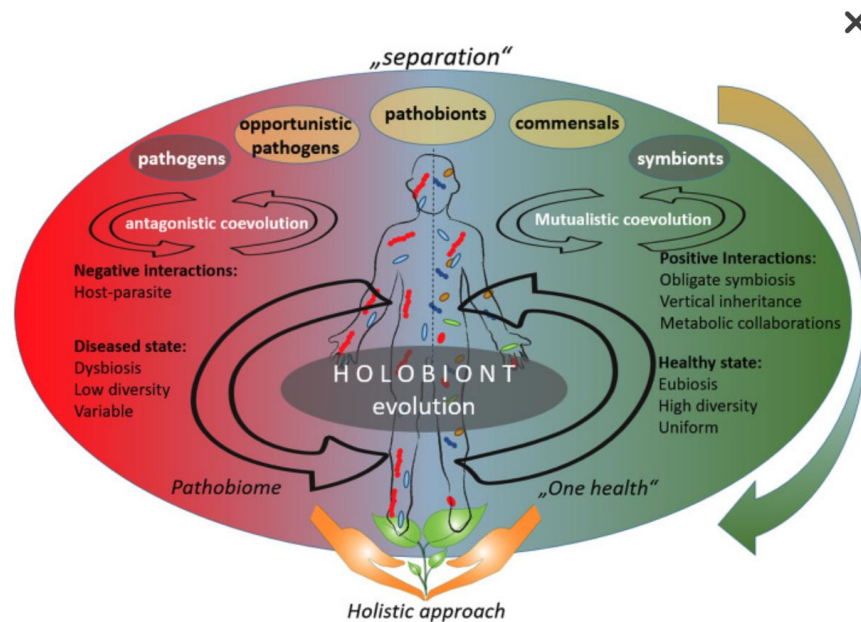


Symbiose

Mutualisme
(+/+)



Commensalisme
(0/+)



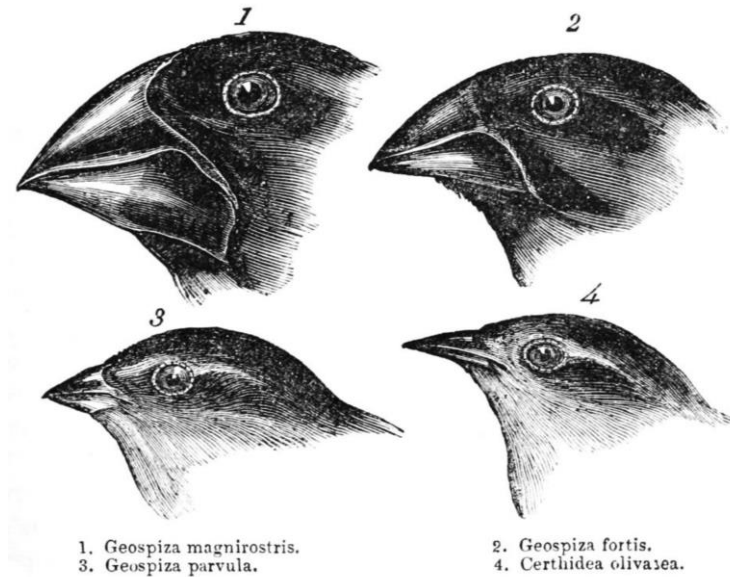
➤ Les communautés microbiennes (eg microbiotes) comprennent toutes ces interactions impliquant des interactions microbe-microbe et microbe-plante.

INRAE Berg et al., <https://doi.org/10.1186/s40168-020-00875-0>

Christophe MOUGEL

Séances hebdomadaires de l'Académie d'Agriculture : Comment sélectionner l'holobionte ? – Paris – 4 décembre 2024

➤ Cadre évolutionniste : sélection naturelle

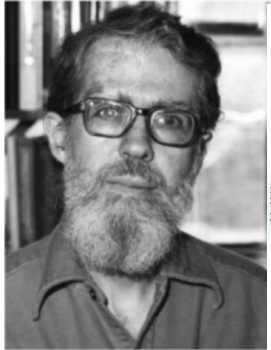


Les 'pinsons' des îles des Galapagos sont le cadre biologique à la base de la théorie de la **sélection naturelle** de Darwin.

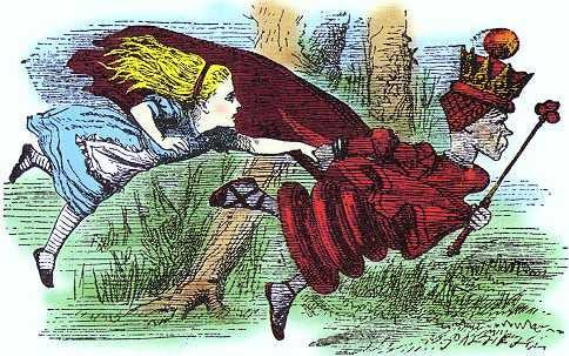
« Au sein d'une espèce il existe toujours des variants génétiques mieux adaptés à un milieu donné qui vont être sélectionnés au sein de la population car améliorant la **valeur sélective et le succès reproducteur** ('fitness').

- Le terme milieu donné à longtermis été perçu comme l'environnement physique et chimique (e.g. abiotiques) en ne considérant les interactions biotiques que sous l'angle d'interaction pathogène
- Théorie de l'holobionte/hologénome reste débattu dans la communauté des évolutionnistes mais il offre un cadre de réflexion et d'émulation dans la communauté des écologues

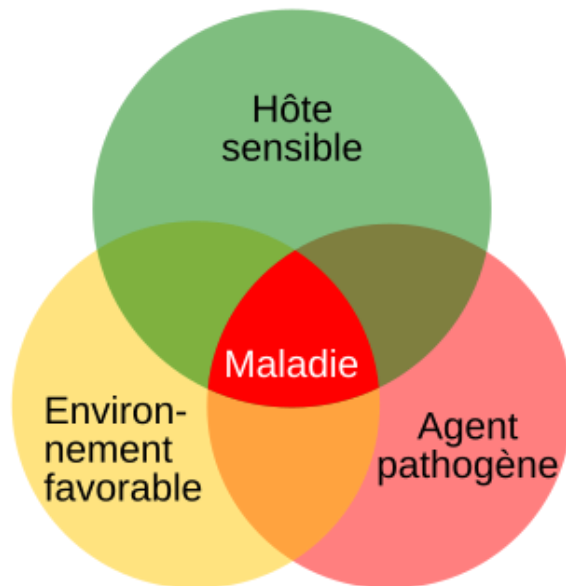
➤ Théorie de la reine Rouge et coévolution



Leigh Van Valen



Les organismes doivent constamment s'adapter pour survivre face aux changements environnementaux et à l'évolution des autres organismes.



- Co-évolution entre mécanismes de défense/immunité des plantes et 'facteurs de virulences'.
- Immunité des plantes : Motifs moléculaires et Effecteurs modulent l'immunité des plantes (PTI/ETI)
- Motifs moléculaires : dommage (DAMP), herbivore (HAMP), nématode (NAMP), **pathogène (PAMP) et microbe (MAMP)**

INRAE

Christophe MOUGEL

➤ Théorie de la Reine Noire

OPINION/HYPOTHESIS

The Black Queen Hypothesis: Evolution of Dependencies through Adaptive Gene Loss

J. Jeffrey Morris,^{a,b} Richard E. Lenski,^{a,b} and Erik R. Zinser^c

Michigan State University, East Lansing, Michigan, USA^a; BEACON Center for the Study of Evolution in Action, East Lansing, Michigan, USA^b; and University of Tennessee, Knoxville, Tennessee, USA^c

Dynamique évolutive : certains gènes peuvent être perdus à l'intérieur d'une espèce bactérienne, sans pour autant que la fonction soit perdue pour la communauté / processus écosystémique :

- réduction de la taille des génomes (ex. bactéries endosymbiotiques strictes pathogènes ou mutualistes)
- importance écologique de la dimension communauté avec un partage du travail à l'échelle de la communauté (coût/bénéfice ; tricheur)

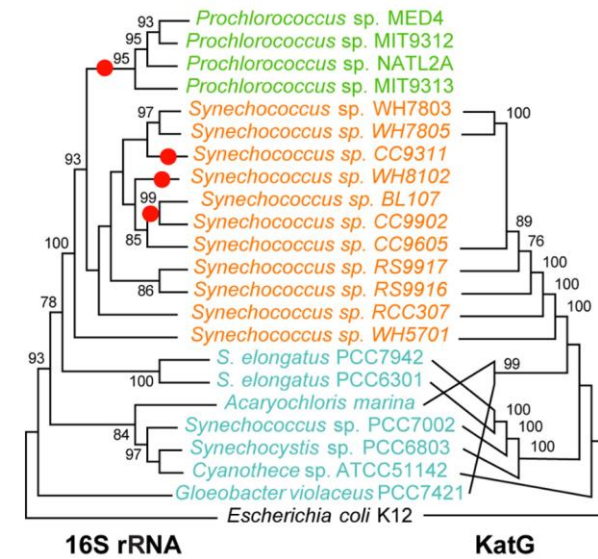
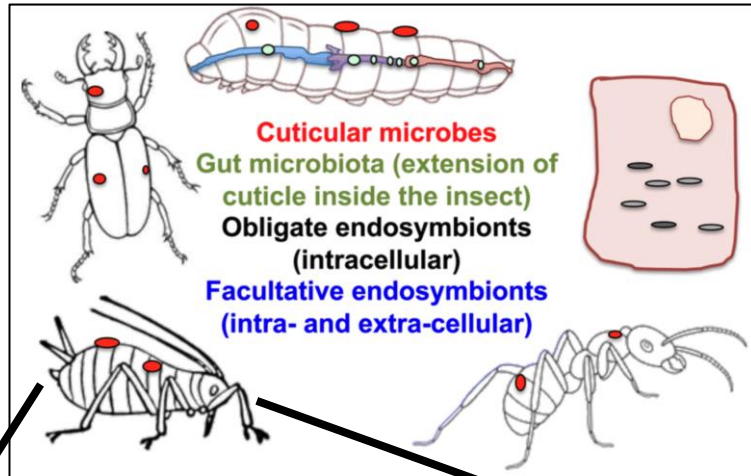


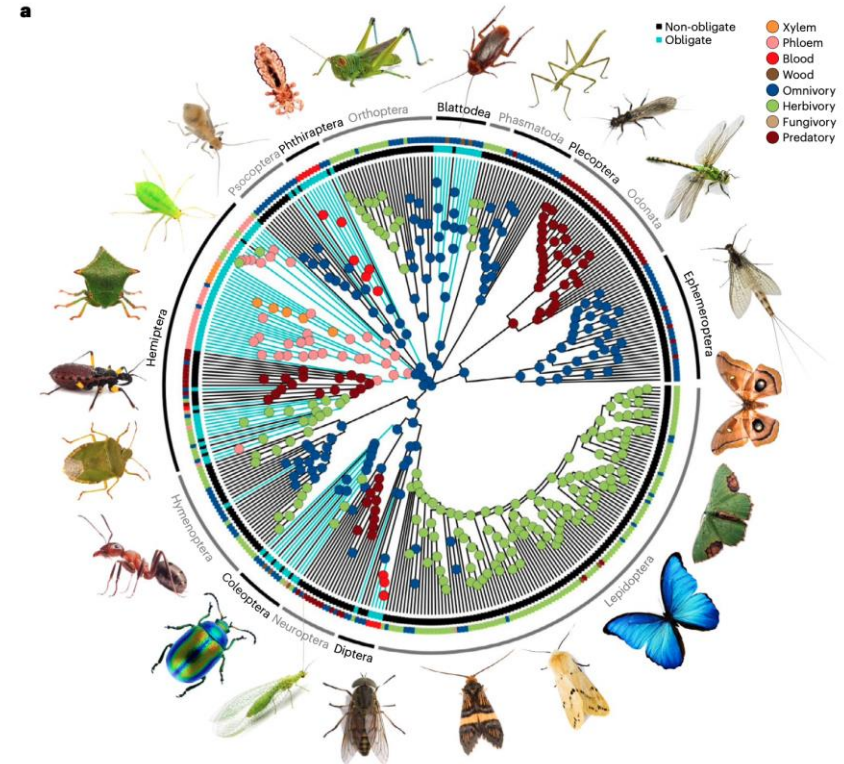
FIG 1 Comparison between the phylogenies of the catalase-peroxidase and small subunit rRNA genes for cyanobacteria with sequenced genomes. Although there are some differences in branching order between the two trees, the marine *Synechococcus* *KatG* proteins form a well-supported monophyletic clade, implying that this protein was present in the clade's ancestor and was subsequently lost in several lineages (indicated by red dots on the rRNA tree), including *Prochlorococcus*. Green, representatives of the *Prochlorococcus* clade; orange, marine *Synechococcus* clade; cyan, other *Cyanobacteria*. Bootstrap values less than 75% are omitted. Only the tree topologies are shown; branch lengths do not represent genetic distances. Tree construction methods are described in the supplemental material. (Alignments and distance matrices used to produce the figure have been deposited at <http://www.datadryad.org> [<http://dx.doi.org/10.5061/dryad.7j8c5s5j>].)

➤ Holobiontes insectes



Baucias et al., 2018

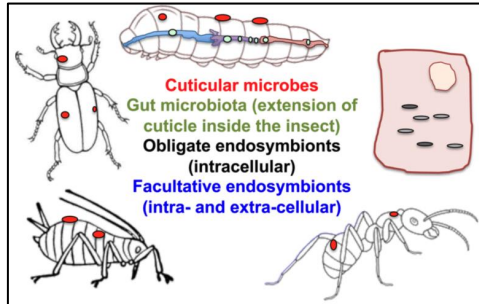
- 1 symbiote nutritionnel obligatoire : *Buchnera aphidicola*
- 9 symbiotes facultatifs conférant des capacités d'adaptation et de défense : *Serratia symbiotica*, *Hamiltonella defensa*, *Regiella insecticola*, *Rickettsia* sp., *Rickettsiella* sp., PAXS, *Spiroplasma* sp., *Wolbachia* sp. et *Arsenophonus*.



Cornwallis et al., 2023 <https://doi.org/10.1038/s41559-023-02058-0>

- Stratégie de recherche pour manipuler la performance des insectes ravageurs en ciblant leurs endosymbiotes

➤ Hôtes – microorganismes associés



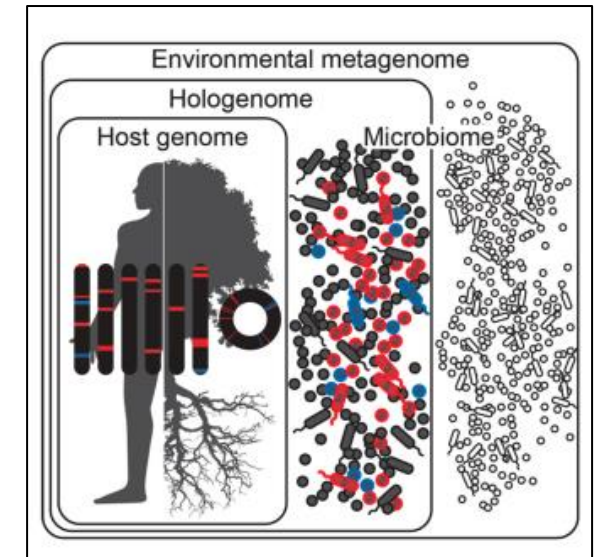
Boucias et al., 2018



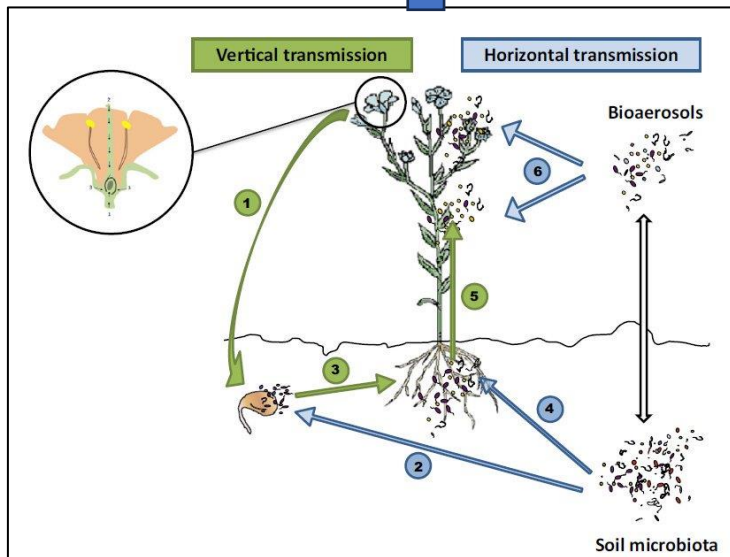
Fischbach & Segre, 2016



Le microbiote français
Le French Gut
INRAE



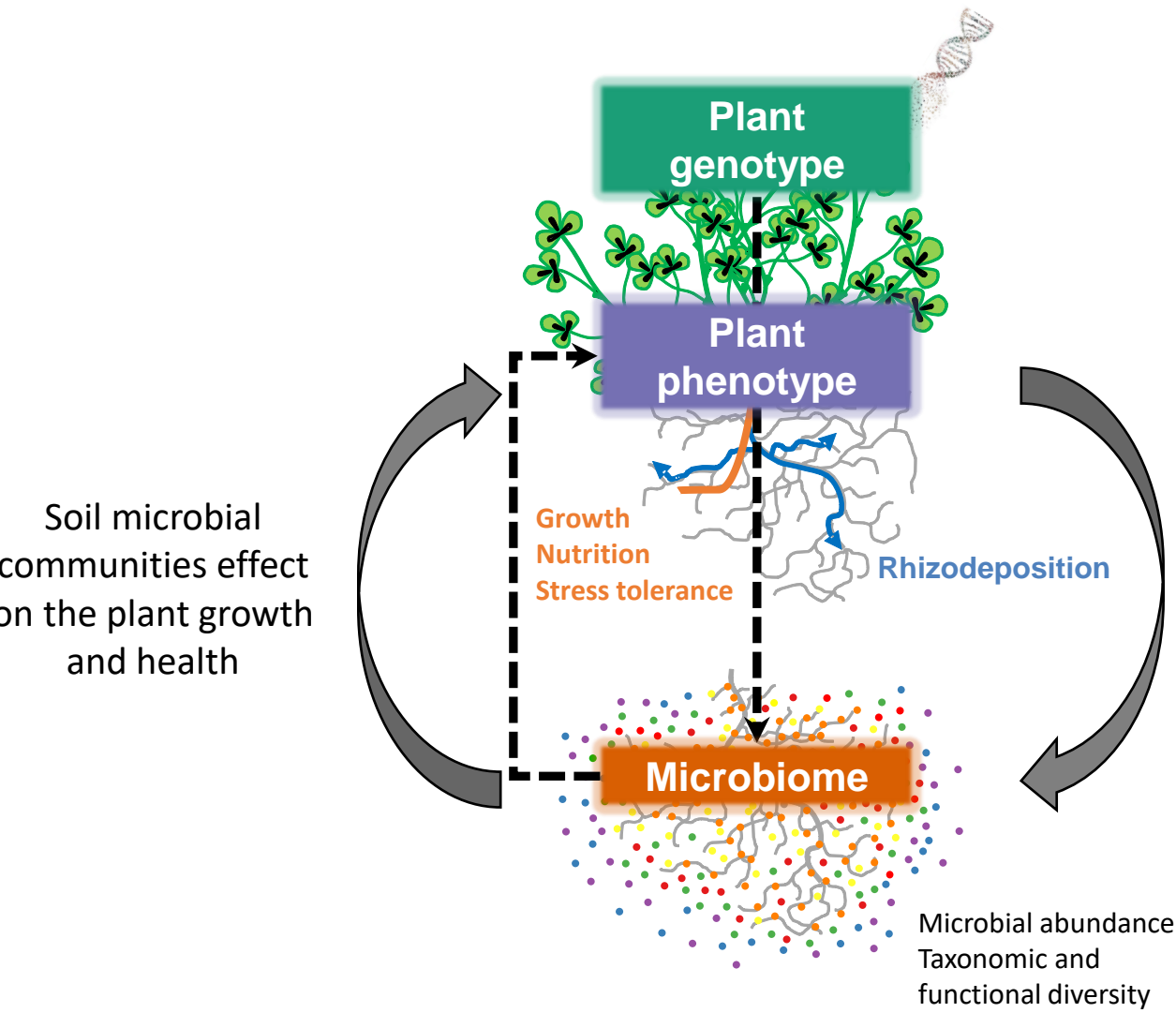
Theis et al. 2016



Lemanceau et al., 2018

- Les **macro-organismes** vivent en interactions étroites avec des **microorganismes** d'origine environnementale ou transmis des parents à la descendance (neutres, pathogènes et bénéfiques).
- Ces microorganismes étendent le registre des fonctions de l'hôte et celles-ci **peuvent contribuer à l'adaptation de l'hôte à son environnement abiotique et biotique**, et cela dans un contexte de changement globaux.

➤ Les interactions microbiennes autour de la rhizosphère



Medicago truncatula genotype drives the plant nutritional strategy and its associated rhizosphere bacterial communities

Anouk Zancarini^{1,2}, Christine Le Signor², Sébastien Terrat², Julie Aubert³, Christophe Salon², Nathalie Munier-Jolain² and Christophe Mougel^{1,2}

¹IGEPP, INRAE, Institut Agro, Univ. Rennes, 95653, Le Rheu, France; ²Agroécologie, INRAE, Institut Agro, Univ. Bourgogne, Univ. Bourgogne Franche-Comté, F-21000, Dijon, France;

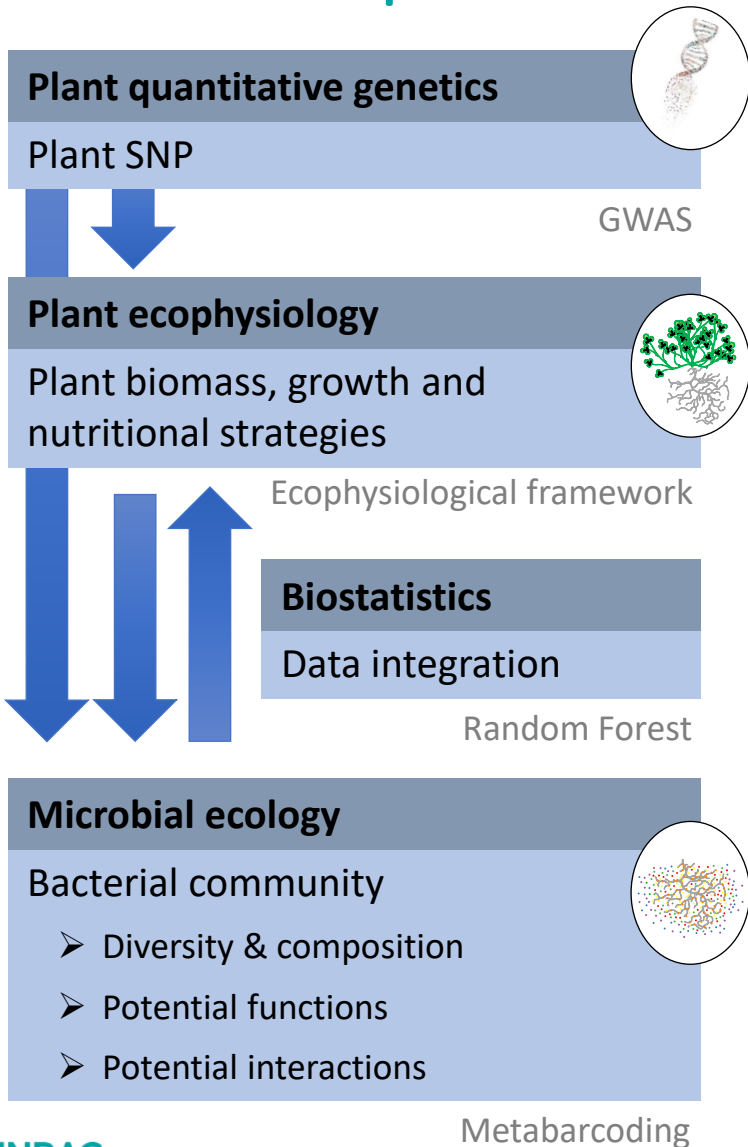
³Université Paris-Saclay, AgroParisTech, INRAE, UMR MIA Paris-Saclay, 91120, Palaiseau, France



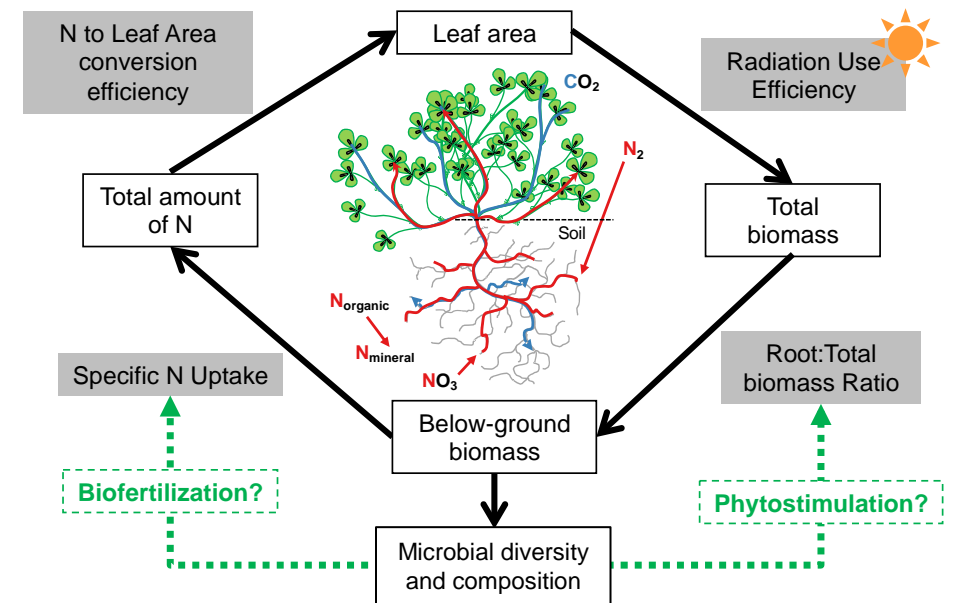
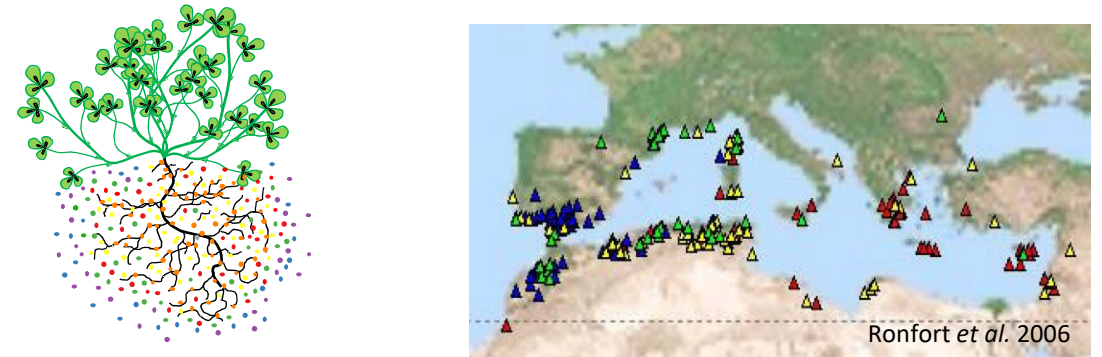
INRAE

Christophe MOUGEL

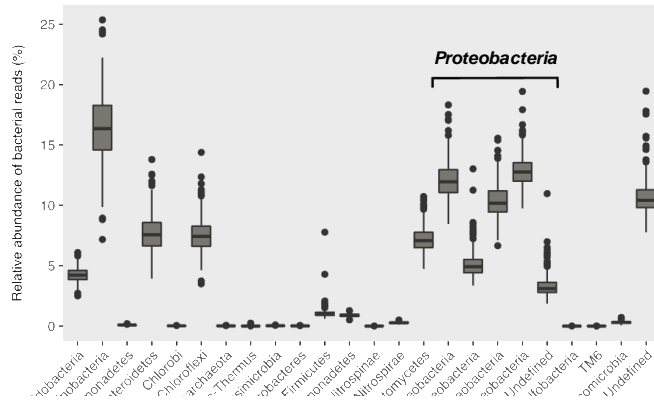
Interactions plante-microbiome et phénotype étendu



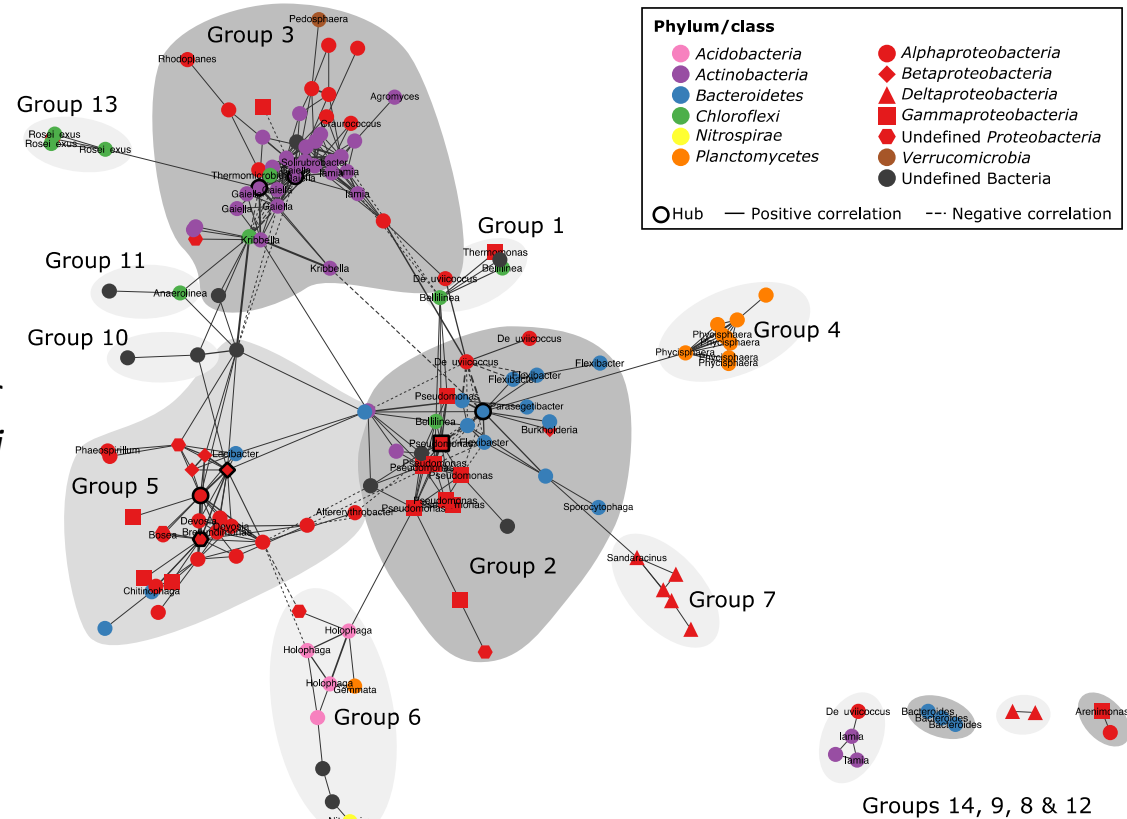
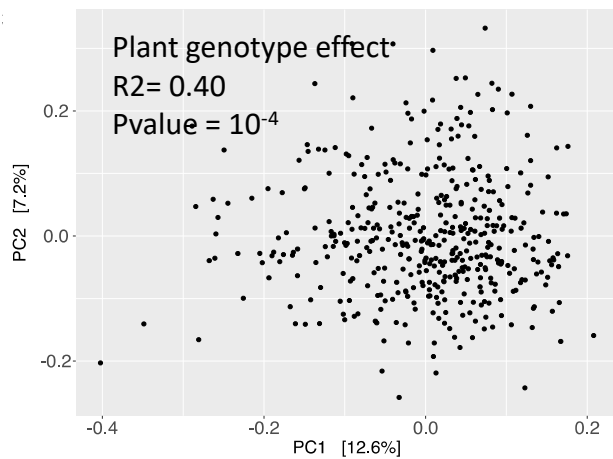
A plant model *M. truncatula*
A core collection of 155 plant genotypes
A Mediterranean soil



➤ Diversité et interactions au sein des communautés bactériennes des rhizosphères de *M. truncatula*

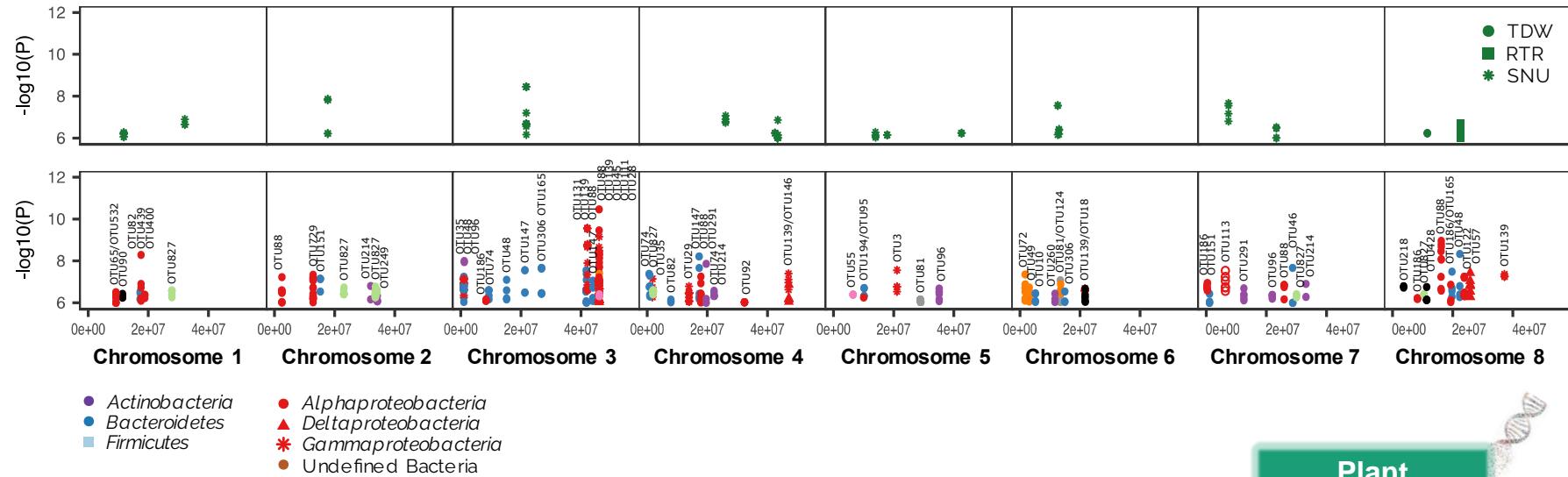


➤ Une diversité bactérienne contrastée et dominée par *Proteobacteria*, *Actinobacteria*, *Bacteroidetes*, *Chloroflexi* et *Planctomycetes*



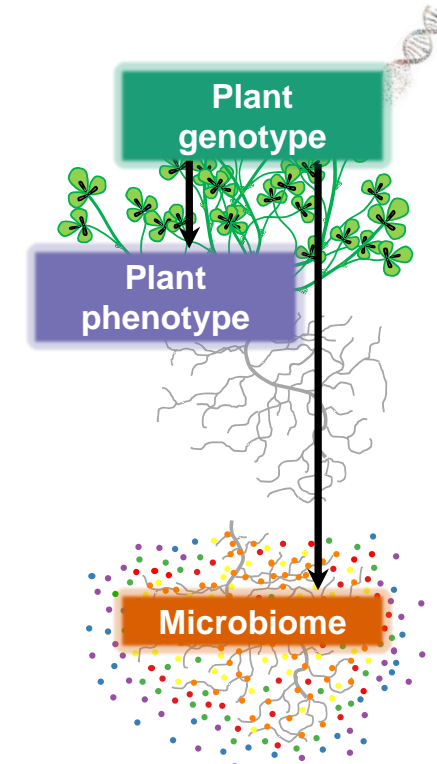
➤ Espèces bactériennes centrales et connectées identifiées

➤ Des gènes de la plante associés aux traits écophysiole et à l'occurrence des espèces bactériennes

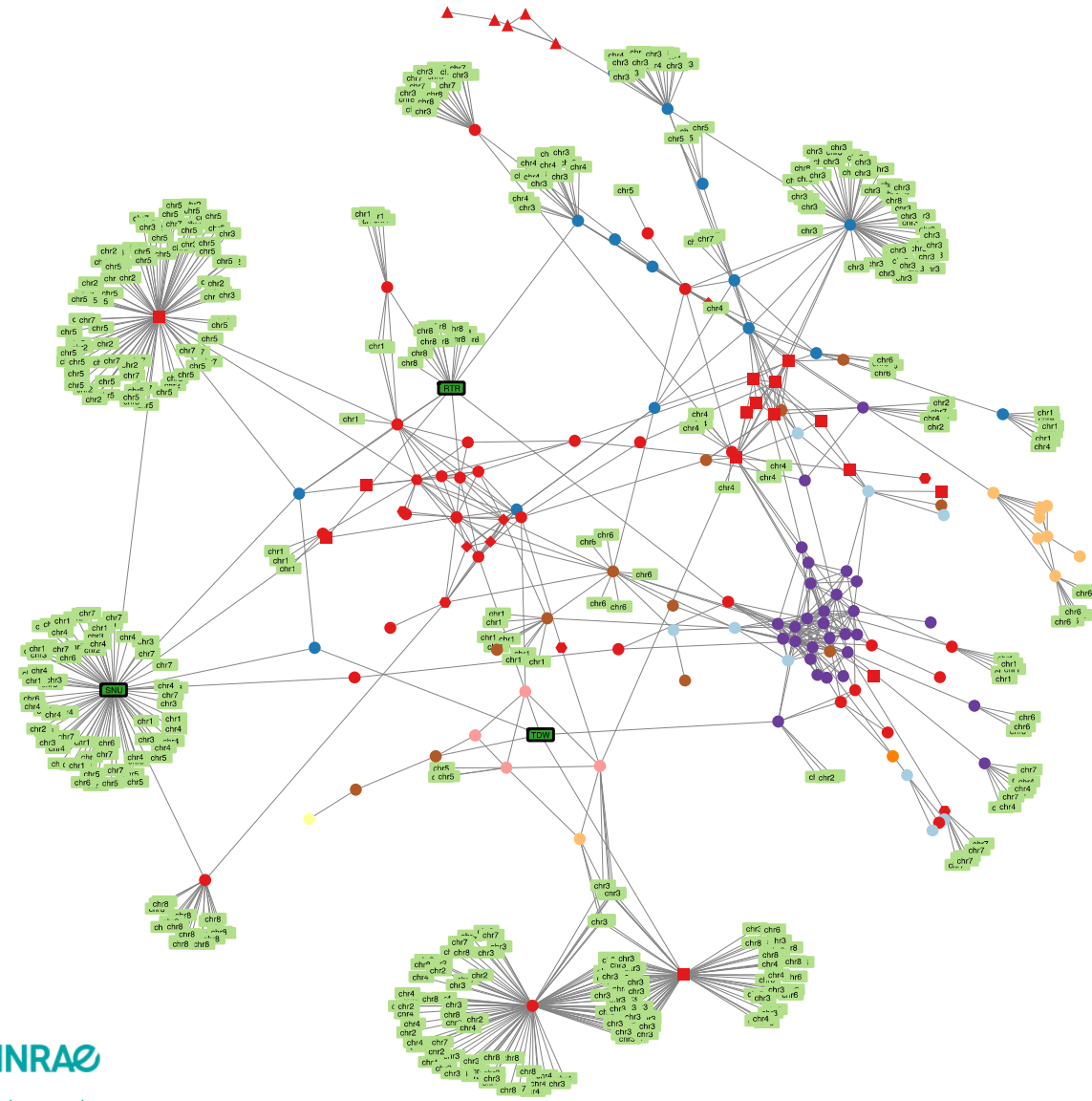


➤ Quels gènes de la plante

- Pour l'uptake d'azote, 21 genes identified (e.g. root hair cell development, nodulation, defense)
- Pour les OTU bactériennes, 186 genes identified (e.g. response to nutrient level and starvation, defense (SA), lignin biosynthetic process, triterpenoid biosynthetic process, root development)



➤ Des gènes de la plante associés aux traits écophysiole et à l'occurrence des espèces bactériennes



➤ Nos résultats identifient des espèces bactériennes centrales et connectées entre elles associées à des gènes de la plante et des stratégies nutritionnelles.

➤ Nécessité de validations fonctionnelles côtés plante et microbes

Bacterial OTU

- *Acidobacteria*
- *Actinobacteria*
- *Bacteroidetes*
- *Chloroflexi*
- *Nitrospirae*
- *Planctomycetes*
- *Alphaproteobacteria*
- ◆ *Betaproteobacteria*
- ▲ *Deltaproteobacteria*
- *Gammaproteobacteria*
- ◆ *Undefined Proteobacteria*
- *Undefined Bacteria*

Plant

- Plant trait
- Plant SNP identified in the GWAS

➤ Déterminants génétiques de la plante cultivée impliqués dans l'interaction avec un microbiote fonctionnelle bénéfique, améliorant sa santé

- Etude de génétique quantitative permettant d'identifier les fonctions de la plante mobilisant des fonctions du microbiotes associé à la santé de la plante.
- Deux approches complémentaires pour identifier les fonctions microbiennes
 - (i) communautés microbiennes 'naturelles' (diversité naturelle large)
 - (ii) communautés microbiennes reconstruites (consortia connus et maîtrisés)
- Identifier les fonctions microbiennes associées à l'interaction plante-microbiote et à une augmentation de la résistance à un agent pathogène



anr[®] INRAE

CULTIVER
PROTÉGER
autrement



European Research Alliance
ERA Pesticide Free
Towards a chemical pesticide free agriculture

Plant2Pro



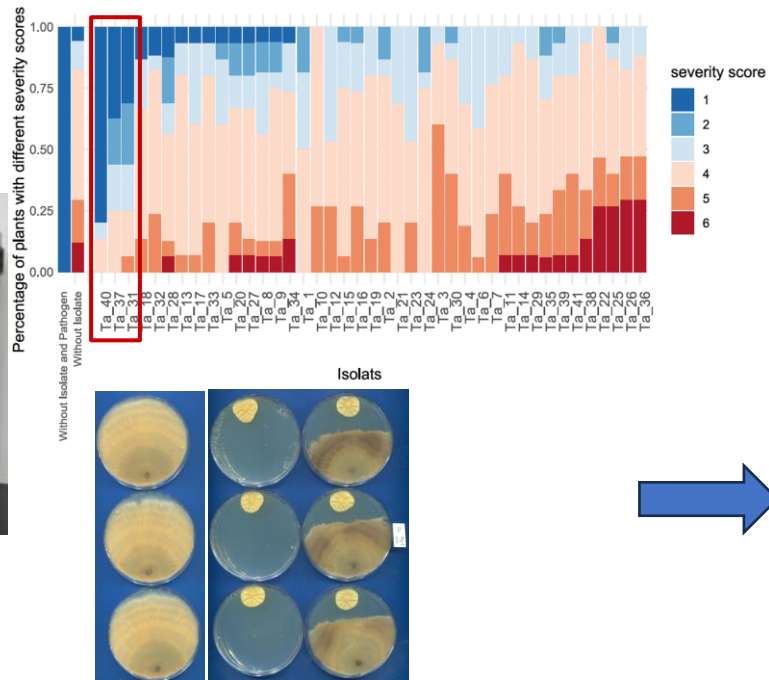
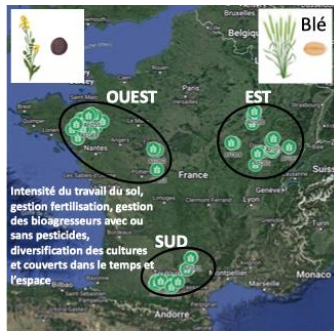
DEEP IMPACT



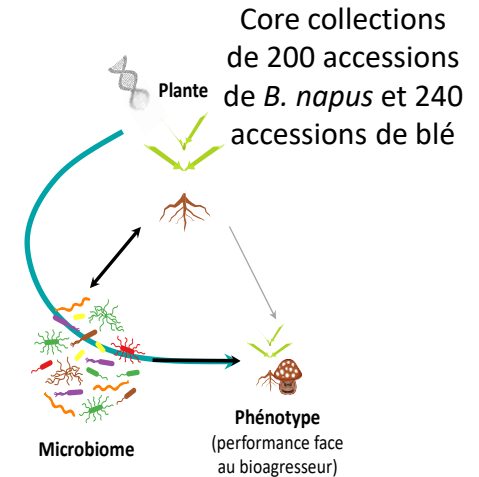
INRAE

Christophe MOUGEL

➤ Travaux engagés



Communautés synthétiques



- **Collection de bactéries (10000 isolats) et champignons (1500 souches) représentatives des communautés in situ.**
- **Définition et caractérisation d'une collection de travail (100 bactéries et 50 champignons) :** données génomiques et métaboliques, phénotypage des interactions, modélisation métabolique (80 isolats fongiques).
- **Assemblage et validation de communautés réduites (compétitrice, antagonistes, modulant l'immunité des plantes) améliorant la santé de la plante.**
- **Identification des gènes/fonction de l'interaction et associé à la modulation de la santé**

INRAE

Christophe MOUGEL

➤ Les interactions autour de la plante : une question d'interdisciplinarité à fort potentiel

“We need to stop looking for silver bullets,” says Jan Leach, a plant pathologist at Colorado State University. “This is not a problem that any one of us can solve on our own, and it will require very diverse teams of people working together in ways that we've never worked before.”



Cherie Sinnen

How all the components on a farm—the plants, soils, microbes, insects and climate, known collectively as the phytobiome -interact to determine crop yields ?

D'après Broadfoot, 2017

<https://www.scientificamerican.com/article/is-this-the-next-green-revolution/>

➤ Prospectives - Conclusion

- Des questions méthodologiques :
 - Choix du panel de plante à mobiliser, quelle diversité génétique explorée ?
 - Approches mathématiques pour l'études génétique des fonctions clefs de l'interaction plante cultivée - microbiome associé à l'échelle des communautés pour identifier les fonctions clefs de l'interaction
 - Capacité d'éditer de nombreuses cibles chez la plante et de nombreuses espèces microbiennes ?
- Des questions d'écologie :
 - Cible de sélection ?
 - Un microbiote bénéfique ou un microbiote hébergeant toutes les interactions (bénéfiques, neutre et délétère) ? Interaction mutualiste et immunité ?
 - Eubiose versus dysbiose ? Quelles propriétés de transition et de stabilité ?
 - Maintenir/développer des approches intégratives et des couplages fort entre biologie et mathématique (Data driven model versus Physic based model, modèle hybride, IA)
- Un fort potentiel d'application : agronomie (les espèces/fonctions microbiennes identifiées présentes), biocontrôle par conservation (lien à l'agronomie), voir inondatif (?) et en sélection variétale



➤ Remerciements



European Research Alliance
ERA Pesticide Free
Towards a chemical pesticide free agriculture



INRAE

Christophe MOUGEL

Séances hebdomadaires de l'Académie d'Agriculture : Comment sélectionner l'holobionte ? – Paris – 4 décembre 2024