

MORHIBA – Modulation des Organismes Rhizosphériques par les Blés Anciens

Ducrocq Guillaume¹, Rivière John², Desoignies Nicolas¹

¹Phytopathology, Microbial and Molecular Farming Lab (PMMF), HEPH Condorcet, 7800 Ath, Belgique

²Laboratoire de biotechnologie et biologie appliquée, HEPH Condorcet, 7800 Ath, Belgique

Introduction

Depuis la révolution verte, les variétés végétales ont « co-évolué » avec les produits phytosanitaires et engrais de synthèse. Les variétés cultivées ont vu leurs rendements augmenter, tout en aliénant leur capacité d'adaptation et de résistance. Cette érosion des gènes d'intérêt a pu entraîner la perte de caractères directement liés à la résistance horizontale, à savoir la capacité de recrutement de microorganismes bénéfiques dans la rhizosphère. Notre projet vise donc à évaluer cette capacité en comparant des variétés anciennes et modernes.

Dans un contexte de diminution de produits phytosanitaires et d'augmentation des coûts des produits pétrobasés, l'étude des capacités de recrutement rhizosphérique prend tout son sens. Les rôles associés au microbiote racinaire étant multiples : solubilisation des nutriments, production de phytohormones, lutte contre les maladies, stimulation des défenses naturelles, etc.

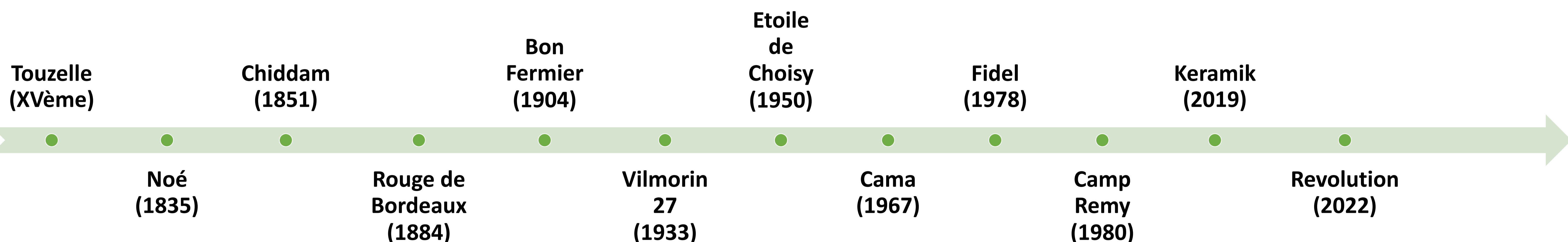


Figure 1 : Chronologie des blés utilisés pour la modulation des organismes rhizosphériques (source : Faidare Inrae)



Figure 2 : photos du bio-essais (A) Randomisation des pots sur une des tables de cultures. (B) Récolte des racines de la variété 1, répétition 2 (C) prélèvement des manchons racinaires (© : Ducrocq Guillaume)

Matériel & Méthodes

Nous comparerons douze variétés de *Triticum aestivum* (qui représentent l'histoire de la sélection du blé) afin de voir si la sélection a eu un impact sur la capacité de recrutement rhizosphérique. Certaines variétés étant potentiellement capables de sélectionner de meilleurs microorganismes que d'autres.

1. Les blés seront cultivés sous serre et comparés en trois répétitions.
2. Après deux mois de croissance végétative, les racines seront prélevées en prenant garde à préserver les « manchons » racinaires.
3. L'ADN des microorganismes sera extrait
4. Une librairie Illumina sera construite, en se basant sur les séquences de l'ARN 16S (procaryotes) et ITS (fungi) et séquencée à l'aide d'un Illumina MiSeq
5. Les séquences seront analysées selon une approche taxonomique
6. Afin de renforcer l'analyse, une prédiction fonctionnelle sera réalisée, à l'aide des suites FUNGuild (champignons) et FAPROTAX (procaryotes).

Discussion & perspectives

Cette étude vise à mettre en évidence si l'érosion des gènes de résistance horizontale au cours de l'histoire de la sélection a également érodé la capacité de recrutement des variétés. Nous espérons donc démontrer l'importance de la variété sur le recrutement rhizosphérique. L'idée est de considérer, pour les variétés, en plus d'un profil taxonomique, un profil « fonctionnel ».