



Université Claude Bernard



DIPLÔME NATIONAL DE DOCTORAT

(Arrêté du 25 mai 2016)

Date de la soutenance : **04 novembre 2022**

Nom de famille et prénom de l'auteur : **Madame GRUET Cécile**

Titre de la thèse : « *Impact de l'histoire évolutive du blé sur les interactions avec les communautés fonctionnelles microbiennes de la rhizosphère* »

Résumé

Les plantes, comme tous les macroorganismes, interagissent avec une multitude de microorganismes qui impactent leur développement et leur adaptation à l'environnement. Depuis leur colonisation des terres émergées, les plantes continuent à évoluer, générant une forte diversité génétique se traduisant par des variations phénotypiques importantes au sein même des espèces de plantes. Ces variations peuvent concerner l'architecture racinaire, ou encore les profils d'exsudation et par conséquent les interactions avec les microorganismes du sol. Notre hypothèse est que l'histoire évolutive des plantes est un facteur prépondérant qui détermine les grandes lignes des interactions plantes-microorganismes et notamment le fonctionnement du microbiote au contact des racines (dans la zone appelée la rhizosphère). Cette hypothèse a été testée dans le cas du blé, une céréale importante pour la nutrition humaine, dont nous connaissons bien l'histoire évolutive. En effet, les blés actuels sont issus d'hybridations entre des espèces des genres *Triticum* et *Aegilops*, impliquant les génomes A, B et D, qui ont généré des blés tétraploïdes et hexaploïdes. Suite aux hybridations, certaines espèces ont connu des événements de domestication et de sélection variétale, aboutissant aux variétés de blé dur (génome AABB) et de blé tendre (AABBDD) que l'on connaît aujourd'hui. Afin d'évaluer l'impact de l'histoire évolutive du blé sur ses interactions avec les microorganismes du sol, les objectifs de cette thèse ont été, par une comparaison de blés aux contenus génomiques contrastés, (i) de caractériser la sélection du microbiote rhizosphérique, (ii) d'évaluer l'interaction avec des groupes fonctionnels microbiens importants pour la croissance des plantes, et (iii) de caractériser l'interaction moléculaire avec une PGPR (Plant Growth-Promoting Rhizobacteria). Des génotypes de blé tendre et blé dur ainsi que des représentants actuels de leurs ancêtres sauvages et domestiqués ont été employés pour mesurer leurs interactions avec quatre groupes fonctionnels microbiens, i.e. les fixateurs d'azote libres, les producteurs d'1-aminocyclopropane-1-carboxylate (ACC) désaminase, les producteurs d'acide indole-3-acétique (AIA) par la voie de la phénylpyruvate décarboxylase, et les producteurs de 2,4-diacétylphloroglucinol (DAPG), ainsi qu'avec la PGPR *Pseudomonas ogarae* F113. Ces travaux ont montré que l'abondance (mesurée par PCR quantitative), la diversité (mesurée par métabarcoding) et l'activité (tests enzymatiques et gène rapporteur) des microorganismes bénéfiques fluctuaient en fonction du profil génomique et du statut de ploïdie du blé. Souvent, des résultats similaires ont été observés pour les blés possédant le génome D (génome provenant de l'ancêtre *Aegilops tauschii*), montrant que ce génome pourrait être fortement impliqué dans les interactions avec les microorganismes phytobénéfiques du sol. De plus, la domestication et la sélection variétale ultérieure ont eu un impact important sur la façon dont les blés sont colonisés par ces microorganismes et interagissent avec eux, avec des différences selon le groupe fonctionnel microbien considéré. En conclusion, l'histoire évolutive du blé a modulé le potentiel d'interaction avec des microorganismes importants pour la croissance de la plante.

Mots-clés : Blé, Génome, Polyploïdie, Domestication, Sélection variétale, Microorganismes phytobénéfiques, Fonctions microbiennes