

De la génomique écologique à la co-sélection plante-microbiote

par Fabrice Roux

Comprendre le rôle du génome de l'hôte dans la modulation de la variation naturelle du microbiote est une nécessité pour éclairer la théorie de l'holobionte. Cependant, l'architecture génétique de l'hôte structurant le microbiote n'est que partiellement décrite chez les plantes. De plus, la plupart des études de GWA mapping sur le microbiote sont souvent menées en dehors des habitats natifs où l'hôte évolue et l'identification de signatures de sélection naturelle sur les gènes candidats a été négligée. Pour combler ces lacunes et décortiquer l'architecture génétique qui régit les interactions adaptatives entre une plante hôte et son microbiote, une analyse de Genome-Environment Association (GEA) a été menée sur 141 populations naturelles d'*Arabidopsis thaliana* caractérisées au niveau génomique, *in situ* pour leurs communautés bactériennes foliaires et racinaires, et un large éventail de facteurs écologiques non-microbiens (climat, propriétés physicochimiques du sol, communautés végétales). Une fraction beaucoup plus élevée de la variance du microbiote observée entre les populations est expliquée par la génétique de l'hôte que par des facteurs écologiques non-microbiens. Par ailleurs, nous avons identifié une architecture polygénique et flexible de l'adaptation d'*A. thaliana* à divers descripteurs du microbiote et du pathobiote. Enfin, l'immunité des plantes apparaît comme une source majeure de variation génétique adaptative structurant les assemblages bactériens chez *A. thaliana*. Pour confirmer ces résultats, des études de GWA mapping basées sur des expériences de phénotypage de grande ampleur en conditions *in vitro* et de champ, ont été mises en place aussi bien du côté plante que du côté bactérien. Les résultats obtenus permettent d'envisager des approches de co-GWA mapping qui permettraient de proposer des programmes de sélection innovants des interactions plante-microbiote.



Fabrice Roux est directeur de recherche au CNRS au sein du laboratoire des Interactions Plantes-Microbes-Environnement (CNRS/ INRAE Toulouse). Par la mise en place de projets interdisciplinaires combinant génétique quantitative, écologie des communautés, génomique des populations, biologie moléculaire, microbiologie et sciences participatives, l'objectif principal de ses travaux de recherche est de comprendre et de prédire les interactions biotiques avec les plantes dans le contexte des changements globaux. Cet objectif repose sur (i) l'identification des principaux facteurs écologiques agissant comme agents sélectifs sur les plantes, (ii) la description de l'architecture génétique sous-jacente à l'adaptation chez les plantes, et (iii) l'identification et la compréhension des déterminants génétiques et moléculaires de l'adaptation, en particulier celles impliquées dans les interactions plante-microbiote-pathobiote et les interactions plante-plante. Son principal modèle d'étude est *Arabidopsis thaliana*, plante modèle de laboratoire, mais avant tout une espèce sauvage tellement commune dans nos campagnes. Plus récemment, il a développé des approches de génomique écologique comparative de l'adaptation des plantes sauvages et des microbes associés à des stress multiples.