

Communiqué de presse – 18 décembre 2023

## Identification d'un ensemble de gènes bactériens essentiels pour coloniser les racines de plantes

**Comme les humains ou les animaux, les plantes ont un microbiote qui influence leur santé et leur permet d'assimiler les nutriments du sol. Mais comment se forme ce microbiote ? Grâce à une approche expérimentale innovante, des scientifiques du Max Planck Institute et d'INRAE ont découvert 3 gènes indispensables aux bactéries pour coloniser les plantes et vivre dans et sur leurs racines. Ces gènes sont communs à de nombreuses bactéries des racines, et sont aussi présents chez celles qui composent le microbiote humain ou animal. Ces travaux, publiés dans *Nature Communications*, apportent une compréhension nouvelle sur la formation du microbiote des plantes, utile au développement d'une agroécologie tirant partie des fonctions du microbiote.**

Tout comme les humains ou les animaux, les plantes vivent en interaction avec des millions de microorganismes (bactéries, champignons...) qui composent leur microbiote, notamment dans les racines. Au cours des 20 dernières années, de nombreuses études ont mis en évidence l'importance du microbiote pour la croissance et la survie des plantes à tous les stades de leur vie. Ce microbiote joue un rôle crucial dans l'assimilation des nutriments et minéraux du sol, renforce leur tolérance à différents stress et leur résistance aux maladies. Si les scientifiques ont une vision précise de la composition du microbiote, les limites techniques d'analyse empêchaient jusqu'à présent de savoir quels mécanismes sont utilisés par les microorganismes pour coloniser les racines.

### Déconstruction et reconstruction du microbiote racinaire

Pour étudier avec précision le microbiote des plantes, les scientifiques ont utilisé l'arabette des dames (*Arabidopsis thaliana*), une plante modèle en recherche. Ils ont isolé le microbiote de cette plante et ont cultivé et identifié les différentes souches de bactéries et de champignons qui le composent. En s'appuyant sur cette collection de microorganismes du Max Planck Institute, ils ont reconstitué un microbiote simplifié mais représentatif qu'ils ont ensuite inoculé à des arabettes cultivées en conditions stériles, et donc dépourvues de microbiote, pour étudier comment les bactéries colonisaient les racines. Grâce à des techniques avancées d'analyse transcriptomique (c'est-à-dire de l'expression des gènes), ils ont constaté que plus de 3 000 gènes étaient actifs à l'interface entre les racines et le sol. Ils ont par la suite étudié plus finement les fonctions de ces gènes.

### 3 gènes indispensables à la colonisation des plantes

En modifiant des gènes au sein d'une bactérie du microbiote, l'équipe de recherche a identifié 3 gènes indispensables qui sont conservés chez de nombreuses bactéries du microbiote des plantes. Si un de ces 3 gènes est inactivé, les bactéries sont incapables de coloniser les racines. Un des gènes régule la virulence des bactéries et leur réponse aux stress environnementaux. Le second est impliqué dans le transport de composés au travers de la membrane de la bactérie. Le dernier, qui est en fait un ensemble de 4 gènes fonctionnant de concert, permet à la bactérie de percevoir la concentration du phosphore dans l'environnement et d'adapter son métabolisme en conséquence. Ces 3 gènes permettraient aux bactéries de s'adapter à des environnements très différents, et donc de coloniser des hôtes vivants. Ces gènes sont conservés chez les nombreuses bactéries qui ont co-évolué pendant des millions d'années avec leurs plantes hôtes. En plus d'être communs aux bactéries qui composent le microbiote végétal, les scientifiques mentionnent également que ces gènes sont aussi utilisés par d'autres bactéries pour coloniser des mammifères.

Ces résultats ouvrent la voie à de nouvelles recherches pour favoriser les bactéries bénéfiques à la santé de leur hôte, qu'il soit végétal ou animal. Ils ouvrent de nouvelles perspectives non seulement pour l'agriculture durable mais aussi pour la santé.

#### Référence :

Vannier, N., Mesny, F., Getzke, F. *et al.* Genome-resolved metatranscriptomics reveals conserved root colonization determinants in a synthetic microbiota. *Nat Commun* **14**, 8274 (2023). <https://doi.org/10.1038/s41467-023-43688-z>

#### Contact scientifique :

Nathan Vannier - [nathan.vannier@inrae.fr](mailto:nathan.vannier@inrae.fr)

Institut de Génétique, Environnement et Protection des Plantes (UMR INRAE, Institut Agro, Université de Rennes)

Départements scientifiques SPE et BAP

Centre INRAE Bretagne-Normandie

#### Contact presse :

Service de presse INRAE : 01 42 75 91 86 – [presse@inrae.fr](mailto:presse@inrae.fr)

---

INRAE, l'Institut national de recherche pour l'agriculture, l'alimentation et l'environnement, est un acteur majeur de la recherche et de l'innovation. L'institut rassemble une communauté de 12 000 personnes, avec 273 unités de recherche, de service et d'expérimentation implantées dans 18 centres sur toute la France.

Institut de recherche finalisée, il se positionne parmi les tout premiers organismes de recherche au monde en sciences agricoles et alimentaires, en sciences du végétal et de l'animal, et en écologie-environnement. Il est le premier organisme de recherche mondial spécialisé sur l'ensemble « agriculture-alimentation-environnement ». INRAE a pour ambition d'être un acteur clé des transitions nécessaires pour répondre aux grands enjeux mondiaux.

Face à l'augmentation de la population et au défi de la sécurité alimentaire, au dérèglement climatique, à la raréfaction des ressources et au déclin de la biodiversité, l'institut a un rôle majeur pour construire des solutions et accompagner la nécessaire accélération des transitions agricoles, alimentaires et environnementales.

### la science pour la vie, l'humain, la terre

Rejoignez-nous sur :



[www.inrae/presse](http://www.inrae/presse)