

Sujet de stage

* Intitulé du sujet de stage : Rôle des microRNAs dans l'interaction plante-microbiome de la rhizosphère en condition de stress abiotique.

Informations sur l'équipe d'accueil

- * Statut et identité de l'Unité de rattachement/ de l'Entreprise : ECOBIO CNRS-UMR 6553
- * Directeur de l'Unité/ de l'Entreprise : Joan Van baaren
- * Intitulé de l'équipe d'accueil : Evolution Génome et Adaptation

Informations sur les encadrants

- * Nom, prénom : Abdelhak El Amrani, Cecile Monard (université de Rennes1) et Etienne Yergeau (Université du Québec)
- * Adresse : CNRS-UMR 6553, campus de Beaulieu Bât. 14 A, 35042 Rennes Cedex
- * Téléphone : 02 23 23 51 24
- * Email : abdelhak.elamrani@univ-rennes1.fr – cecile.monard@univ-rennes1.fr

Informations sur le Stage

* Contexte scientifique et enjeux (max. 10 lignes)

Il est admis que la dégradation des molécules complexes, dans les écosystèmes naturels, se fait plus rapidement par le consortium plantes-microbiote. Par ailleurs, la connaissance des mécanismes permettant aux plantes de contrôler le microbiote du sol reste encore très fragmentaire. A l'heure actuelle, on dispose d'une bibliographie abondante témoignant de l'échange des microARNs (miARNs) dans les processus de l'interaction hôte-symbionte ou parasite. Chez les plantes les miARNs sont secrétés pour contrôler des processus de virulence. Le processus de sécrétion / échange de miARNs a été démontré également dans le cas d'interaction entre plantes et champignons pathogènes. Ces données récentes montrent clairement que les miARNs sont largement échangés entre organismes appartenant à différents domaines du vivant et il est très concevable que le microbiote dans la rhizosphère soit programmé de la même manière via des miARN secrétés par les plantes

* Objectifs et actions de recherche (max. 15 lignes)

Le projet se situe dans le cadre d'une collaboration internationale Franco-Canadienne. L'équipe française a déjà initié chez les spartines (plantes colonisant les marais salés côtiers) une étude préliminaire à l'échelle du génome entier, et a montré la présence de miARNs induits après traitement aux hydrocarbures aromatiques polycycliques (HAPs). Cette étude nous a permis d'identifier des miARNs présentant un profil d'expression original, susceptibles d'être secrétés dans la rhizosphère et donc de reprogrammer le microbiote du sol en condition d'environnements pollués. Afin de simplifier le système expérimental, l'équipe française a également extrait les miARNs de la rhizosphère de deux plantes modèles, *Arabidopsis thaliana* et *Brachypodium distachyon*, et a clairement montré que la rhizosphère de ces deux plantes est fortement enrichie en miARNs comparée à un sol contrôle sans plante. Ces miARNs sont actuellement en cours de séquençage (Illumina) afin tout d'abord d'identifier leurs gènes de synthèse chez les plantes puis, dans un second temps, leurs cibles au sein de la rhizosphère. En effet, notre hypothèse de travail est que les miARNs qui sont présents dans la rhizosphère contrôlent la sélection et le recrutement du microbiote associé aux racines, et cela notamment en conditions de stress. Notre objectif principal est donc de relier leur présence et abondance à la structure et la composition des communautés microbiennes associées aux racines.

* Approches méthodologiques (max. 6 lignes)

Il s'agira de mettre en évidence le contrôle des communautés microbiennes de la rhizosphère par les plantes via la sécrétion de miARNs spécifiques. Les données disponibles dans la littérature montrent clairement que les miARNs extracellulaires sont protégés dans des vésicules. Afin de valider notre hypothèse, nous proposons de purifier les vésicules de la rhizosphère et vérifier par séquençage ou par PCR en temps réelle si ces dernières contiennent des miRNAs. Ensuite, nous disposons de mutants de type Knock-out d'*Arabidopsis* affectés dans le processus de synthèse de miARNs. Il s'agira de comparer leurs communautés microbiennes à celles d'une rhizosphère de plantes sauvages pour identifier les miARNs impliqués dans le contrôle du microbiote rhizosphérique. Les communautés fongiques et bactériennes de la rhizosphère seront ainsi caractérisées par séquençage (Illumina MiSeq) de la région ITS (champignons) et du gène ribosomal 16S (bactéries) au Centre d'Innovation de l'Université McGill et de Génome Québec.

* Résultats attendus (max. 6 lignes)

L'ADN sera extrait des échantillons de rhizosphère et de 'bulk soil' en utilisant les kits d'extraction de la compagnie MoBio. Les abondances des bactéries et champignons de la rhizosphère seront déterminées par qPCR en utilisant des amorces généralistes ainsi que celles de gènes impliqués dans la dégradation des HAPs. Les communautés fongiques et bactériennes seront aussi caractérisées par séquençage MiSeq au Centre d'Innovation de l'Université McGill et de Génome Québec. Les données seront analysées sur les serveurs de Calcul Québec en utilisant notre pipeline maison. Il s'agira de déterminer si la sécrétion de certains miARNs par la plante lui permet de recruter un microbiote rhizosphérique spécifique et adapté à la dégradation de HAPs.

* Publications pertinentes du laboratoire (5 références max.)

El Amrani A, Dumas AS, Wick L, Yergeau E and Berthomé B (2015) "Omics" Insights into PAH Degradation toward Improved Green Remediation Biotechnologies. *Environ Sci Technol.* 49(19):11281-91

Bell TH, Stefani FOP, Abram K, Champagne J, Yergeau E, Hijri M, St-Arnaud M. (2016) A diverse soil microbiome degrades more crude oil than specialized bacterial assemblages obtained in culture. *Applied and Environmental Microbiology.* 82:5530-5541.

Alvarez M, Ferreira de Carvalho J, Salmon A, Ainouche ML, Cavé-Radet A, El Amrani A, Foster TE, Moyer S, Richards CL. (2018) Transcriptome response of the foundation plant *Spartina alterniflora* to the Deepwater Horizon oil spill. *Mol Ecol.* (14):2986-3000. doi: 10.1111/mec.14736.

Monard C, Gantner S, Bertilsson S, Hallin S, Stenlid J. (2016) Habitat generalists and specialists in microbial communities across a terrestrial-freshwater gradient. *Sci Rep.* 25;6:37719. doi: 10.1038/srep37719.