



Projet exploratoire  
2020 – 2021



### Coordination

Christophe MOUGEL  
[christophe.mougel@inrae.fr](mailto:christophe.mougel@inrae.fr)

### Mots clés

Acquisition microbiote, rhizosphère, insecte, détoxification, Brassicaceae

### Unités INRAE participantes

IGEP  
Agroécologie  
MaIAGE

### Partenaires

iDIV - Univ Leipzig (Allemagne)

## Rôle des interactions plantes-microbiotes dans l'adaptation d'un insecte ravageur à son hôte

Le projet  $\mu$ FlyAdapt souhaite mettre en évidence le recrutement sélectif et le rôle des microorganismes de la rhizosphère dans l'adaptation d'un insecte phytophage racinaire (la mouche du chou *Delia radicum*) à sa plante hôte (*Brassica napus*).

Durant leur cycle de développement, les plantes entretiennent des interactions dynamiques et intimes avec des communautés de microorganismes. De nombreux travaux illustrent l'importance de ces interactions sur la croissance, la santé et l'évolution des organismes hôtes hébergeant ces microorganismes.

L'attaque d'une plante cultivée par un insecte ravageur racinaire implique l'interaction entre deux holobiontes : la plante et les microbiotes racinaires et rhizosphériques d'une part, l'insecte et son microbiote d'autre part. Ces deux entités, habituellement considérées comme distinctes, ont en réalité une partie commune car les microorganismes de la racine et de la rhizosphère de la plante, contournant nécessairement les molécules de défense de la plante, sont aussi susceptibles d'être recrutés par le ravageur dans son microbiote intestinal, du fait de leurs propriétés détoxifiantes.

## Objectifs

Nous proposons de déterminer la part de l'héritabilité et de l'origine environnementale du microbiote d'un ravageur racinaire et de mesurer l'impact de ce recrutement sur la valeur adaptative du ravageur.

Pour cela, nous suivrons par séquençage massif la dynamique du microbiote de l'insecte (*Delia radicum*, la mouche du chou) tout au long de son cycle de vie en parallèle de la dynamique des communautés de la racine et de la rhizosphère de deux géotypes de colza (*Brassica napus*) ayant des teneurs en composés de défense contrastées. Dans un second volet plus fonctionnel, nous quantifierons les composés et hormones de défense dans les racines, le gène bactérien *saxA* connu pour dégrader les composés de défense des plantes et produirons des données métatranscriptomiques pour mieux comprendre la nature des interactions entre la plante, les microbiotes et l'insecte.

## Partenaires

Département INRAE	Unité INRAE	Expertise
<b>SPE</b> Santé des plantes et environnement	IGEPP	Écologie des communautés, interactions plante-microbiote-bioagresseurs, métaomiques, métabarcoding, culturomique, écologie fonctionnelle, métatranscriptomique, biologie moléculaire, bioanalyses, microbiologie, expérimentation plante microbiote, biologie et écologie des insectes, écologie chimique, métabolites plante, bioanalyses, expérimentation insectes, microbiote insectes, bioinformatique, biostatistiques.
	Agroécologie	Bioanalyses, biologie moléculaire, développement et production de données moléculaires de diversité taxonomique et fonctionnelle.
<b>MATHNUM</b> Mathématiques et numérique	MaIAGE	Modélisation, bioinformatique.
Partenaire		Expertise
<b>iDIV</b> Univ Leipzig (Allemagne)		Génomique <i>D. radicum</i> , écologie chimique (détoxification)