
Mieux prédire l'adaptation des plantes et de leurs microorganismes associés au changement global en combinant génomique des populations et biogéographie ?

Cécile Ben^{*†1}, Mélanie Mazurier¹, Martina Rickauer¹, Sergey Nuzdhin², Tatiana Tatarinova³, and Laurent Gentzbittel^{‡1}

¹Laboratoire Ecologie Fonctionnelle et Environnement – CNRS : UMR5245, Université Paul Sabatier (UPS) - Toulouse III, Institut National Polytechnique de Toulouse - INPT – ENSAT, 18 chemin de Borderouge, 31326 Castanet Tolosan, France

²University of South California – Molecular and Computational Biology Program, College of Biological Sciences, États-Unis

³Univ. of La Verne – 1950 Third Street La Verne, CA 91750, États-Unis

Résumé

Dans un contexte de changements environnementaux intenses et rapides, les plantes et leurs microorganismes associés –symbiotiques, endophytes ou pathogènes- doivent faire face à de nouvelles contraintes, biotiques ou abiotiques.

Aujourd'hui, l'essor des données génomiques offre l'opportunité unique de prédire, avec une précision jusque-là inégalée, les traits fonctionnels et adaptatifs sur la base des variations de séquence entre les individus au sein des populations.

En utilisant les ressources phytogénétiques considérables de *Medicago truncatula*, légumineuse méditerranéenne sauvage, nous avons développé une approche à l'échelle du génome entier pour analyser les associations entre la biodiversité génétique intra-spécifique, la structure des populations végétales et les variables bioclimatiques.

Nous avons montré qu'environ la moitié de la variation génomique au sein de l'espèce peut être reliée au climat ou à la géographie, le climat étant la principale source de variation. Nous avons également identifié des populations adaptées localement avec des composantes génomiques fortement liées à des caractéristiques environnementales spécifiques. Enfin, une part importante de la variation génomique entre les populations de *M. truncatula* peut être associée à des interactions biotiques. Ainsi, nous avons pu prédire avec précision les réponses quantitatives aux maladies et les performances de nodulation.

Cette nouvelle approche intégrative peut aider à la caractérisation et à la conservation de la biodiversité végétale et microbienne associée ainsi qu'à la gestion et à la préservation d'agro- et écosystèmes plus résilients.

*Intervenant

†Auteur correspondant: ben@ensat.fr

‡Auteur correspondant: GENTZBITTEL@ensat.fr

Mots-Clés: biodiversité, prédiction génomique, traits fonctionnels, adaptation, structure des populations, variables bioclimatiques, admixture, interactions biotiques, conservation, *Medicago truncatula*