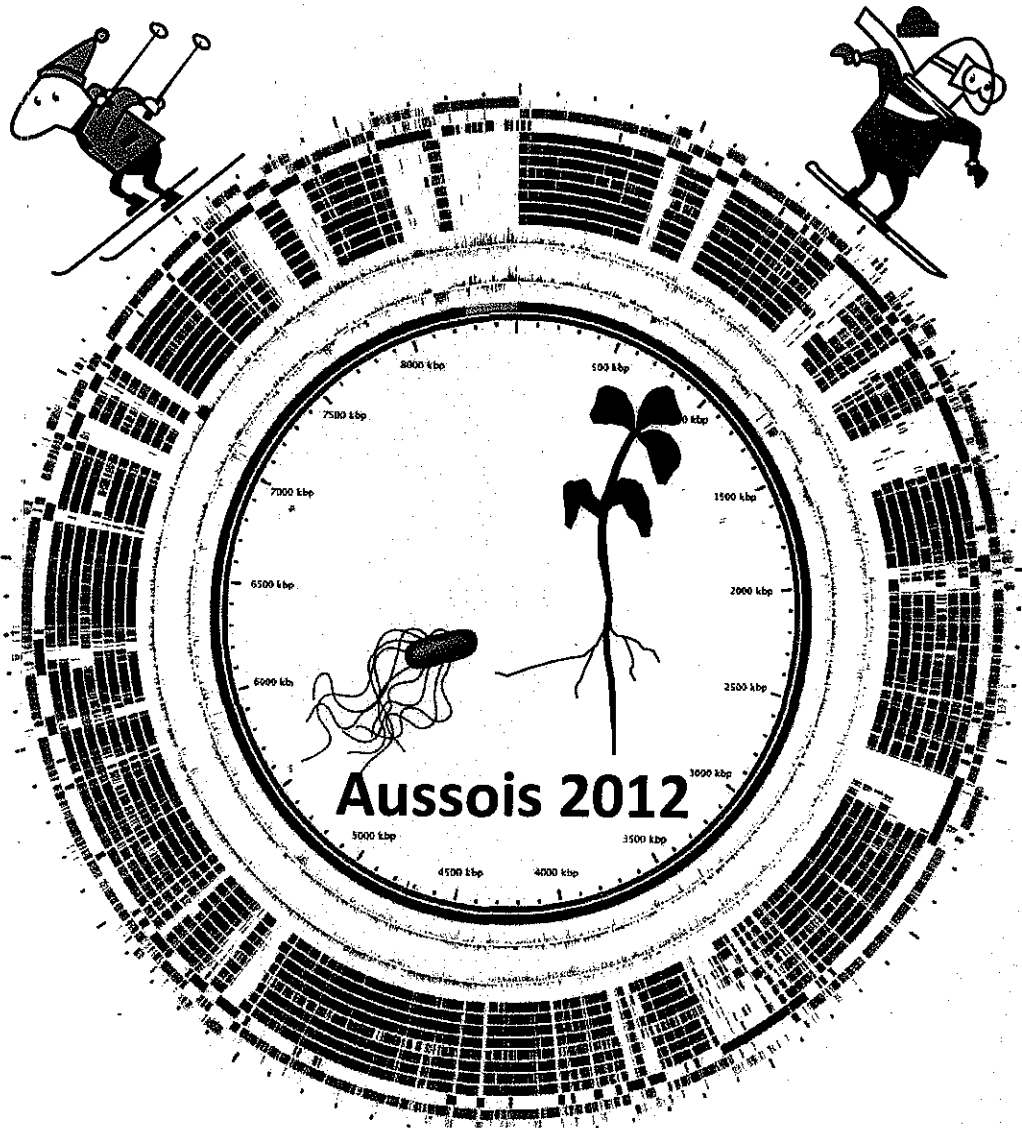


# 10<sup>èmes</sup> Rencontres Plantes-Bactéries

30 janvier – 3 février 2012



## Evolution Spatio-Temporelle des populations de *Bradyrhizobium* associées à *Acacia mangium*

Marie-Mathilde Perrineau<sup>1</sup>, Yves Prin<sup>1</sup>, Paul Reddel<sup>2</sup>, Antoine Galiana<sup>1</sup>, Christine Le Roux<sup>1</sup>, Sergio de Faria<sup>3</sup>, Gilles Béna<sup>1,4</sup>.

1: Laboratoire des Symbioses Tropicales et Méditerranéennes, IRD/CIRAD/UM2/SupAgro/INRA, Campus de Baillarguet, 34398 Montpellier

2: EcoBiotics, PO Box 148, Yungaburra, Queensland, 4884, Australie

3: EMBRAPA, Agrobiologia, BR 465, Km 47, CEP 23.890-000, Seropédica, Rio de Janeiro, Brésil

4: Laboratoire de Microbiologie et Biologie Moléculaire, Université Mohammed V Agdal - Rabat - Maroc

En 1966, l'aire de répartition d'*Acacia mangium* était encore restreinte à quelques îlots dans le Northern Queensland Australien et la Papouasie Nouvelle Guinée. En 2010, cette espèce représente un quart des surfaces sylvoles plantées au monde, en proportion similaire au teck, avec plus de 2 millions d'Ha cultivés. *A. mangium* est une légumineuse s'associant à des bactéries du genre *Bradyrhizobium*. Dans le cadre d'une étude de diversité, des graines et des nodules (et les bactéries symbiotiques se cachant à l'intérieur..) avaient été récoltés en 1986 dans plusieurs sites australiens. En 2007 et 2009, sur approximativement les mêmes sites, nous avons procédé à de nouveaux échantillonnages et isolements bactériens. De plus, *A. mangium* ayant été introduit notamment en Malaisie et au Brésil, nous avons caractérisé les symbiotes spontanément retrouvés dans les plantations non inoculées artificiellement. Nous obtenons ainsi une image de l'évolution de la diversité des bactéries symbiotiques s'associant avec *A. mangium* au niveau temporel mais aussi spatiale.

Nos résultats montrent que sur 20 ans, plusieurs allèles *recA* et *nodA* se retrouvent, avec un niveau de recouvrement plus élevé pour les prélèvements situés à deux ans d'intervalle. De plus, un haplotype multilocus est retrouvé à 20 ans d'intervalle, suggérant une très faible évolution des populations bactériennes, malgré des indices de recombinaison évidents. La similitude des fréquences sur deux ans renforce cette image de forte stabilité des populations. Inversement, la dispersion des isolats et des gènes apparaît extrêmement limitée, avec une absence totale d'haplotype commun avec le Brésil, et deux entre la Malaisie et le Brésil. Les gènes de ménage et symbiotiques ne présentent cependant pas les mêmes patrons de diversification, le Brésil possédant une diversité symbiotique propre par rapport aux autres sites. Une possible histoire globale des *Bradyrhizobium* peut alors être proposée pour comprendre comment ce genre a évolué et évoluera encore.