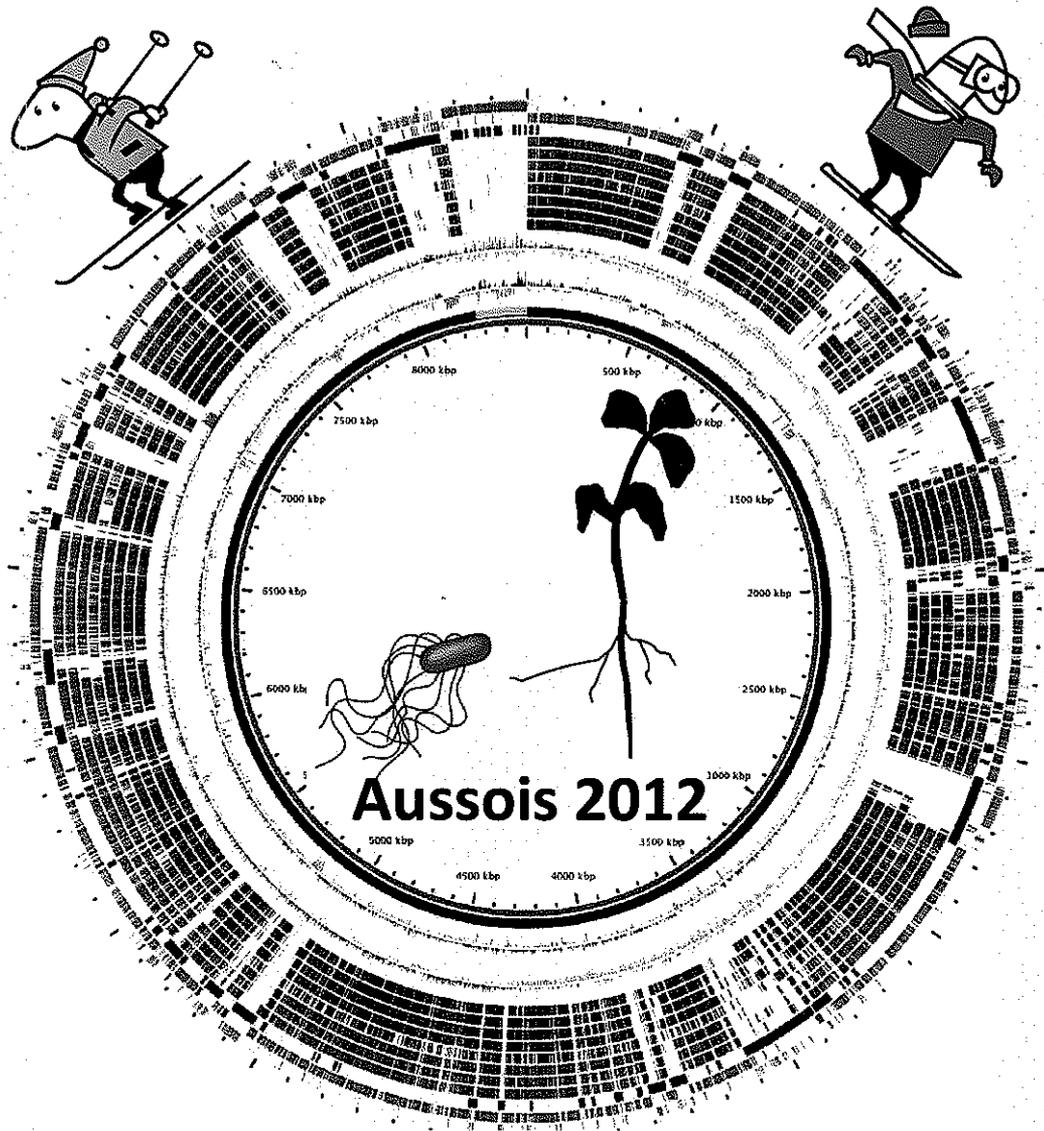


10^{èmes} Rencontres Plantes-Bactéries

30 janvier – 3 février 2012

10^{èmes} PRIN



Ceratonia siliqua: a non-nodulated legume hosting nodulating bacterial endophytes

Bonnet Clothilde, Sanguin Hervé, Galiana Antoine, Hafidi Mohamed, Duponnois Robin, Bressan Mélanie, Yves Prin

LSTM, Institute of Research for the Development, UMR113 IRD/CIRAD/UM2 /SUPAGRO/ USC INRA, Montpellier, France

Parmi les légumineuses, 3 sous-familles sont reconnues : les Papilionoideae, les Mimosoideae et les Caesalpinioideae. Si les deux premières comportent très majoritairement des espèces nodulées, chez les Caesalpinioideae la nodulation ne concerne que 5% des genres. Parmi les différents clades des Caesalpinioideae, le plus proche des Mimosoideae comprend en particulier le genre *Ceratonia*. Le caroubier, *Ceratonia siliqua*, est un arbre cultivé et apprécié en zone méditerranéenne, en tant que fruitier. Il n'est pas nodulé mais est mycorhizé (mycorhizes arbusculaires). L'objectif de notre travail est d'étudier la diversité des bactéries associées aux racines de cette espèce en relation avec la mycorhization.

Notre approche s'est déroulée en trois étapes. Sur le terrain nous avons récolté dans différents sites des feuilles de caroubier et d'espèces non légumineuses et légumineuses voisines afin (1) d'analyser le comportement du caroubier vis à vis de la fixation biologique de l'azote par l'analyse de l'abondance isotopique naturelle en ^{15}N . Des racines et du sol sous caroubier ont également été récoltées afin d'évaluer la mycorhization arbusculaire et (2) d'analyser les communautés microbiennes naturellement associées au caroubier.

A partir de fragments racinaires stérilisés en surface, (3) des essais d'isolements bactériens ont été réalisés. Les isolats obtenus ont été sélectionnés sur leur capacité à induire soit la nodulation monoxénique soit un phénotype de gonflement racinaire, chez deux légumineuses à large spectre de nodulation : *Macroptilium atropurpureum* et *Mimosa pudica*. Les souches positives pour l'un ou l'autre de ces phénotypes ont été caractérisées par séquençage de leur ADNr 16S.

Les résultats des différentes analyses seront présentés et commentés en fonction des données obtenues aux différents niveaux d'analyse et de la littérature.