

MATHÉMATIQUES ET INFORMATIQUE APPLIQUÉES DU GÉNOME À L'ENVIRONNEMENT

Selecteer een taal ▼ Mogelijk gemaakt door [Google Translate](#)

[Accueil](#)

HyphAMaize

Titre du projet: Determining the role of HYPHospheric bacteria in the Arbuscular mycorrhizal fungi-mediated nutrient supply and growth promotion of MAIZE under low-input agriculture

Nom de l'appel d'offre: AAPG 2025

Agence de moyen: ANR

Etat: Accepté

Année de soumission: 2025

Défi/axe ANR: Axe A.03 - Biologie des animaux, des organismes photosynthétiques et des micro-organismes - CE20

Equipe(s): Migale **Coordinateur.trice:** Benoît ALUNNI

Participants de MaIAGE: O. Rué, V. Loux, H. Chiapello

Partenaires (hors MaIAGE): Institut Jean-Pierre BOURGIN, LABORATOIRE DE RECHERCHE EN SCIENCES VÉGÉTALES, Agronutrition SA, UNL (USA), NRAE GeT

Année de démarrage - Année de fin de projet: 2026-2029

Date de fin du projet: lun 31/12/2029 - 12:00

Résumé: Les champignons mycorrhiziens à arbuscules (CMA) établissent des relations symbiotiques avec les

racines des plantes et jouent un rôle clé dans l'acquisition de nutriments, fournissant à leur hôte du

phosphore et de l'azote du sol en échange d'influence dans le sol nommée hvnh

Paramètres de confidentialité

MA recrutent via leur sphère microbiennes associées au mycélium

étude individuellement, le projet HyphAMaize vise à identifier les fonctions métaboliques clés des communautés de BAH qui stimulent l'apport de nutriments au maïs par les CMA. Le projet HyphAMaize

explore de manière interdisciplinaire les interactions synergiques entre les CMA et les BAH pour améliorer

la productivité du maïs dans des systèmes agricoles à bas niveaux d'intrants. En tant qu'alternative durable à l'agriculture conventionnelle, cette recherche de pointe vise à réduire la dépendance aux engrais chimiques en exploitant les synergies entre organismes constituant le microbiote des sols comme

levier pour la transition agroécologique. Pour ce faire, HyphAMaize est structuré en quatre volets expérimentaux (VE). Le VE1 explore la diversité métabolique des HAB dans un panel de sols et de pratiques culturales variés par des analyses de la structure (metabarcoding) et des fonctions (métagénomique et métatranscriptomique) du microbiome hyphosphérique permettant l'identification de

fonctions centrales des BAH renforçant l'efficacité symbiotique entre CMA et maïs. Pour ce faire, nous utiliserons des mini-maïs cultivés dans des systèmes à deux compartiments permettant de distinguer la rhizosphère de l'hyphosphère. Le VE2 consiste à isoler des BAH à partir de sols non fertilisés en utilisant

des mini-maïs inoculés avec des spores *Rhizophagus irregularis* (CMA). Des cribles fonctionnels permettront d'identifier les BAH présentant des caractéristiques métaboliques (fixation N₂, solubilisation P,

chélation Fe) et écologiques (colonisation du MER, stimulation de la germination des spores et de la croissance des hyphes de CMA) pouvant améliorer la capacité des CMA à acquérir des minéraux du sol. Le génome des BAH sera alors séquencé et annoté, et les voies métaboliques identifiées. Le VE3 vise à développer un modèle métabolique à l'échelle de l'holobionte intégrant le maïs, les CMA et les BAH qui servira d'outil d'aide à la décision pour constituer des communautés synthétiques (SynCom) fonctionnelles

de BAH efficaces pour promouvoir la croissance du maïs en conditions de culture à bas intrants.

L'analyse

d'un modèle métabolique métagénomique permettra également d'identifier des taxa clé de voûte à inclure

dans les SynCom en plus des BAH issues des cribles du VE2. Le VE4 vise à cribler des SynComs en condition de serre, en comparaison de bioinoculants commerciaux de notre partenaire industriel, avant de

réaliser des essais au champ pour évaluer leur impact sur les performances du maïs en conditions agroécologiques. Ces expériences bénéficieront de l'utilisation d'un maïs mutant ayant perdu la capacité à

mycorhizer comme contrôle, afin de vérifier que l'effet bénéfique des BAH dépend d'une symbiose établie

entre le maïs et le CMA. HyphAMaize réunit des experts en microbiologie, biologie/physiologie végétale,

génomique, biologie des systèmes et modélisation mathématique pour créer des SynComs multifonctionnelles qui permettent de poser des questions fondamentales quant aux relations métaboliques entre les différents organismes constituant l'holobionte du maïs cultivé au champ, tout en explorant des questions finalisées pouvant déboucher sur le développement de nouveaux bioinoculants commerciaux. Le projet allie recherche fondamentale et applications pratiques, visant des innovations

agricoles durables pour accompagner la transition agroécologique

Ce site utilise uniquement des cookies fonctionnels par défaut, nécessaires à son

fonctionnement qui ne peuvent pas être désactivés.



[Mentions légales](#) | [CGU](#) | [Cookies](#)