



Université Claude Bernard



HABILITATION A DIRIGER DES RECHERCHES

Date de la soutenance : **13 juillet 2021**

Nom de famille et prénom de l'auteur : **Monsieur MULLER Daniel**

Titre de la thèse *Liens entre diversité bactérienne et fonctionnement de la Rhizosphère*

Résumé



Les bactéries évoluent depuis des milliards d'années ce qui leur a permis de se diversifier par des adaptations à de nouvelles niches ; engendrant une myriade d'espèces qui évolue au sein de communautés (microbiotes) aux interactions complexes. Chaque espèce code des gènes qui remplissent des fonctions biologiques. Or, à l'échelle des microbiotes chaque activité métabolique est remplie par un groupe fonctionnel constitué de plusieurs espèces qui partagent une même fonction. Et l'ensemble de ces groupes forment un réseau métabolique qui pilote le microbiote. Les paramètres abiotiques et biotiques influent sur la structuration et l'activité de ces microbiotes. Ainsi, chaque eucaryote interagit en permanence avec un microbiote qui influe son développement et sa santé. Et en retour, le génotype de l'hôte impacte la structuration et le fonctionnement de son microbiote. Durant la dernière décennie, mes travaux ont contribué à mieux comprendre les aspects de structuration et fonctionnement des microbiotes en interaction avec les racines (rhizosphère). Le 1^{er} axe de mes recherches s'est porté sur l'étude des particularités génomiques et fonctionnelles de bactéries. Ceci a permis de mettre en évidence la présence d'une panoplie de fonctions qui caractérise une niche d'espèce. Par ailleurs, l'évolution et la distribution de fonctions dites phytostimulatrices suggèrent que le caractère 'promotion de la croissance des plantes' serait apparu plusieurs fois au cours de l'évolution chez différents taxons bactériens et micro-eucaryotes. Dans un second axe, l'étude des microbiotes de la rhizosphère, nous montre que l'histoire évolutive des Poacées est un facteur expliquant la structuration taxonomique de la communauté bactérienne, mais pas la taille de groupes fonctionnels. Dans le cas des sols dits résistants à la maladie, nous avons montré que la biodisponibilité du fer était le facteur primordial à l'activité du groupe producteur d'antifongique (phloroglucinol) qui présentait les mêmes abondances entre rhizosphère de sols résistants et de sols sensibles à la maladie. Mes recherches futures s'inscriront dans la continuité de ces travaux. Il s'agira d'une part de caractériser par des approches culturomiques et génomiques de nouveaux consortia bactériens participant à la résistance de sols aux maladies fongiques. Et d'autre part nous prendrons en considération l'impact de la domestication des blés en comparant des lignées sauvages et domestiquées pour leurs aptitudes à sélectionner un microbiote phytobénéfique.