

Résumé

Les plantes participent à la structuration des communautés microbiennes du sol, notamment via leurs exsudats. Certaines des molécules exsudées présentent une activité antimicrobienne alors que d'autres sont des substances signal impliquées dans les interactions plante-bactérie ou utilisées comme des sources de carbone par les microorganismes (sucres, acides carboxyliques et composés phénoliques). Par ailleurs, certains microorganismes du sol établissant des relations étroites avec les plantes modifient le métabolisme végétal, et peuvent ainsi influencer indirectement la communauté microbienne du sol. Mes travaux en tant que Maître de conférences portent sur les bactéries du genre *Agrobacterium*, genre retrouvé dans le sol et la rhizosphère des plantes et qui peut causer la maladie de la galle du collet provoquant la formation d'une tumeur chez de nombreuses plantes d'intérêt, mais uniquement lorsqu'il héberge le plasmide Ti (Tumor inducing). Ces travaux intègrent l'analyse de la diversité des bactéries et des facteurs structurant celle-ci. Dans ce contexte, nous avons développé des outils permettant d'isoler de manière massive et reproductible des agrobactéries et d'identifier à quelle espèce elles appartiennent. Grâce à cela, nous avons entrepris une analyse exhaustive de leur diversité dans la rhizosphère de différentes plantes, et ce à partir d'un même sol modèle (La Côte-Saint-André). Nous avons ainsi déjà confirmé la co-existence dans la rhizosphère d'une plante, de nombreuses souches différentes qui peuvent appartenir à plusieurs espèces d'*Agrobacterium* et qui, dans le cas de la galle du collet, peuvent constituer un réservoir de bactéries pathogènes. Par ailleurs, nous étudions les bases moléculaires de l'adaptation d'*Agrobacterium fabrum* à la plante, que ce soit dans le cadre de sa vie rhizosphérique ou de la pathogénie. Pour cela nous intégrons des analyses de génomique comparative, de génétique fonctionnelle et de phytochimie. Nous avons par exemple montré que des acides hydroxycinnamiques (HCA) sont dégradés chez les bactéries de l'espèce *A. fabrum* par une voie métabolique originale spécifique de cette espèce. Nous avons d'autre part étudié comment était régulée cette voie métabolique et montré que cette régulation était importante essentiellement pour le mode de vie pathogène de cette bactérie, en particulier parce qu'elle interfère avec l'expression des gènes de pathogénie. Nous avons enfin utilisé des approches globales de transcriptomique et de phénotypage du métabolisme carboné pour déterminer si la dégradation des HCA influence aussi l'écologie d'*A. fabrum* via son action sur d'autres régions génomiques.

Le projet proposé combine hypothèses de recherche et développement d'outils et de méthodes afin de mieux étudier les relations plantes-bactéries. Ce projet se concentrera sur les propriétés communes aux bactéries du genre *Agrobacterium* ou au contraire présentant des différences de distribution au sein du genre, qui expliqueraient comment certaines souches et espèces d'*Agrobacterium* sont capables de coexister et de persister pendant des décennies dans l'environnement (via des mécanismes qui leurs permettent d'échapper à la compétition interspécifique), tout en étant des colonisateurs efficaces des plantes notamment vis-à-vis du reste du microbiote. En effet, des populations plurispécifiques d'agrobactéries sont retrouvées dans la rhizosphère d'une même plante et parfois au sein d'une même tumeur. Les propriétés sur lesquelles nous nous focaliserons concernent : la capacité à exploiter différentes ressources fournies par la plante, la capacité à contrer les mécanismes de défense des plantes notamment à gérer des composés antimicrobiens, et la capacité à lutter de manière directe contre d'autres microorganismes interagissant avec les plantes.