DIPLÔME NATIONAL DE DOCTORAT

(Arrêté du 25 mai 2016)

Date de la soutenance : **24 mai 2019**

Nom de famille et prénom de l'auteur : **VALETTE Marine**

Titre de la thèse : « *Gènes et métabolites végétaux marqueurs de l'association riz-bactérie phytobénéfique* »

Résumé

La croissance et la santé des plantes sont fortement influencées par les interactions qui s'établissent entre le végétal et les microorganismes. Les rhizobactéries stimulatrices de la croissance des plantes (PGPR), dont la croissance est favorisée par les exsudats racinaires, sont capables de coloniser les racines et favoriser la croissance des plantes, ce qui représente une alternative encourageante pour réduire les intrants chimiques dans le contexte d'une agriculture durable. Les PGPR, notamment celles du genre *Azospirillum* représentant les principaux phytostimulateurs des céréales, ont des actions aussi diverses sur le végétal que l'amélioration de la nutrition hydrique et minérale, la protection contre les microorganismes pathogènes ou l'augmentation de la tolérance aux stress abiotiques (froid et sécheresse par exemple). Les réponses moléculaires de plantes aux inoculations de bactéries bénéfiques n'ont été que faiblement explorées ; pourtant cela constituerait une étape primordiale dans la compréhension des mécanismes moléculaires mis en jeu lors de l'association plante-PGPR et pourrait permettre, à terme, d'optimiser les applications agronomiques. De récentes études conduites s'appuyant sur les inoculations de deux souches d'*Azospirillum* sur deux cultivars de riz ont montré que les bactéries modifiaient l'expression de nombreux gènes et l'accumulation de plusieurs métabolites secondaires dans les racines. De plus, la majorité des réponses moléculaires observées dans les racines sont apparues spécifiques de la souche utilisée, avec une minorité de gènes et de métabolites régulés de façon commune quelle que soit la souche.

Ce projet explore l'hypothèse selon laquelle les gènes et les métabolites végétaux communément régulés joueraient un rôle majeur dans l'interaction riz-PGPR et constituerait une signature moléculaire de la perception des PGPR par le riz. Dans cet objectif, une analyse intégrant le suivi de l'expression d'une sélection de gènes ainsi que le profilage des métabolites secondaires a été conduite sur les racines d'un unique cultivar de riz (Nipponbare) en réponse à l'inoculation de dix souches de PGPR appartenant à divers genres bactériens (*Azospirillum*, *Herbaspirillum*, *Paraburkholderia*). Nos résultats ont permis l'identification de quatre gènes de riz pouvant être considérés comme marqueurs de l'association riz-PGPR, avec notamment deux gènes impliqués dans la biosynthèse de phytoalexines et un gène codant pour une protéine PR (pathogenesis-related). De plus, une signature métabolique commune,

constituée de neuf composés, a été mise en évidence, dont la réduction de l'accumulation de trois alkylrésorcinols et l'augmentation de l'accumulation de deux amides d'acides hydroxycinnamiques (HCAA) : la *N*-p-coumaroylputrescine et la *N*-féruloylputrescine. Cette signature métabolique a été corrélée avec l'augmentation de l'expression de deux gènes impliqués dans la biosynthèse de la *N*-féruloylputrescine. Il est intéressant d'observer que la confrontation du riz à un pathogène bactérien entraine une réduction de l'accumulation de ces HCAA dans les racines. Cette accumulation d'HCAA, qui sont des composés antimicrobiens potentiels, pourrait être considérée comme une réaction primaire de la perception de bactéries par le riz.

MOTS CLÉS : *Oryza sativa*; *Azospirillum*; rhizosphère; metabolites secondaires racinaires; expression de genes dans les racines; Plant Growth-Promoting Rhizobacteria