

PRÉSENTATION DE THÈSE

ANALYSE DU TRANSCRIPTOME DE *MEDICAGO TRUNCATULA* LORS DE L'ORGANOGENÈSE DE LA NODOSITE INDUITE PAR *SINORHIZOBIUM MELILOTI*¹

par Nicolas Maunoury

François Blondon². – Un échange de nutriments est au cœur de la symbiose entre les légumineuses et les *rhizobia*. Cet échange s'effectue dans un organe racinaire spécifique : la nodosité. Les bactéroïdes sont des *rhizobia* différenciés à l'intérieur des nodosités fixant l'azote pour la plante et celle-ci fournit des produits carbonés aux bactéries. Les mécanismes moléculaires et les gènes gouvernant l'organogenèse de la nodosité sont dans leur majorité peu connus.

Durant ce travail de thèse, une analyse transcriptomique a été utilisée pour décrire la formation des nodosités. A cette fin, une collection d'EST était établie à partir d'une banque d'ADNc de nodosités puis des microarrays ont été créés. Un compendium de transcriptomes a été assemblé à partir de stades distincts du développement chez des nodosités sauvages et des nodosités aberrantes formées dans le cas où l'un des deux partenaires est muté dans un gène dit de nodulation. Environ 500 gènes sur les 2400 testés sont induits au cours de la nodulation. Entre ces gènes, une nouvelle famille était identifiée de plus de 300 gènes (les NCRs) qui sont exclusivement exprimés dans les nodosités. Sur la base d'une variété de critères, il est proposé que les NCRs ont un rôle dans la différenciation des *rhizobia* pour former des bactéroïdes fixateurs d'azote. D'autres gènes importants identifiés codent des facteurs de transcription et sont des bons candidats pour orchestrer le transcriptome dans les nodosités. Des gènes candidats qui organisent et exécutent la sénescence des nodosités ont également été identifiés.

L'analyse statistique du compendium a permis d'organiser les gènes en clusters et de prédire pour un grand nombre d'entre eux leur profil d'expression spatiale dans les nodosités. Cela a également permis de classer les mutants de nodulation en fonction de leur transcriptome et de le corrélérer avec leur phénotype morphologique. Il est démontré que le transcriptome spécifique des nodosités n'est atteint que lorsque les cellules végétales symbiotiques et les bactéroïdes sont différenciés mais qu'il est indépendant de la fixation d'azote.

En conclusion, *l'intérêt des nouveaux gènes identifiés*, exprimés exclusivement dans les nodosités et qui jouent un rôle fondamental dans la différenciation des *rhizobia* en bactéroïdes fixateurs d'azote, est d'autant plus grand que *les protéines de certains de ces gènes dont l'identification et le rôle en cours actuellement, sont utilisables pour modifier la différenciation cellulaire d'organites*. Ceci est donc très prometteur au niveau des *applications aussi bien phytopharmaceutiques que médicales*.

¹ Thèse de Doctorat en Biologie et écologie végétale, dirigée par Peter Mergaert, soutenue le 14 juin 2006, Université Paris XI Orsay, 2006, 248 pages+annexes 76 pages.

² Membre de l'Académie d'Agriculture, directeur de recherches honoraire du Centre national de la recherche scientifique, Institut des Sciences végétales, 91198 Gif-sur-Yvette. Courriel : François.Blondon@isv.cnrs-gif.fr