

COMMENT LA CONNAISSANCE DU GÉNOME DE LA BACTÉRIE PHYTOPATHOGENE *RALSTONIA SOLANACEARUM* ECLAIRE NOTRE COMPREHENSION DES MÉCANISMES DE PATHOGÉNIE VIS A VIS DES PLANTES

par Christian **Boucher**

Directeur de Recherche INRA, Laboratoire des Interactions Plantes Microorganismes INRA-CNRS, Toulouse-Auzeville

Ralstonia solanacearum est une bactérie phytopathogène responsable d'un flétrissement bactérien sur plus de 200 espèces végétales réparties dans une cinquantaine de familles botaniques incluant dicotylédones et monocotylédones. Parmi les plantes sensibles d'intérêt agronomique, la maladie est particulièrement importante sur les Solanacées (tabac, tomate, aubergine, pomme de terre...). Certaines souches sont par ailleurs adaptées à un hôte particulier comme le bananier, l'arachide, le gingembre ou le mûrier. Cette bactériose est endémique dans toutes les zones intertropicales et subtropicales du globe, et certaines souches originaires des plateaux andins ont été disséminées dans des régions à climat tempéré et sont notamment présente depuis une dizaine d'années en Europe.

Dans notre laboratoire, la souche GMI1000 à large spectre d'hôtes a été utilisée pour entreprendre l'analyse des déterminants moléculaires de la pathogénie. L'approche génétique mise en œuvre a permis de mettre en évidence le rôle clef joué par les gènes *hrp* (*hypersensitive response and pathogenicity*) dans le contrôle de ce caractère. Ces gènes codent pour un système de sécrétion de protéines, dit de type III, qui permet l'injection de protéines bactériennes dans les cellules végétales. Les protéines injectées, appelées effecteurs, perturbent le métabolisme végétal en empêchant la mise en place des réactions de défense de la plante et en favorisant l'accès à la bactérie aux métabolites nécessaires à sa croissance.

Le séquençage du génome complet de *R. solanacearum* a permis d'identifier plus de 200 nouveaux gènes candidats pour la pathogénie. Plus de cinquante de ces candidats coderaient pour des effecteurs présentant une grande diversité parmi lesquels figurent notamment des protéases, des protéines présentant des répétitions riches en leucine (protéines LRR) ainsi que des protéines totalement nouvelles. Nous avons montré qu'une majorité de ces gènes appartient au même régulon que les gènes *hrp* qui est transcrit en réponse au contact de la bactérie avec des cellules végétales. Pour plusieurs des candidats effecteurs l'injection dans la cellule végétale a été démontrée et leur analyse fonctionnelle est en cours. Trois d'entre elles agissent en facteurs d'avirulence et contribuent de ce fait à la spécificité parasitaire de la bactérie. Les travaux réalisés actuellement visent à la l'identification des cibles moléculaires de ces effecteurs et à la caractérisation de leur mode d'action seront présentés.