



HAL
open science

Modélisation métabolique et interaction plante-pathogènes

Caroline Baroukh

► **To cite this version:**

Caroline Baroukh. Modélisation métabolique et interaction plante-pathogènes. Séminaire INRA SPE, Dec 2018, Lyon, France. hal-02787691

HAL Id: hal-02787691

<https://hal.inrae.fr/hal-02787691>

Submitted on 5 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

FICHE SEMINAIRE SPE

LYON - 11 ET 12 DECEMBRE 2018

Titre de l'intervention : Modélisation métabolique et interaction plante-pathogènes

Contact : caroline.baroukh@inra.fr

Unité : Laboratoire des Interactions Plantes-Microorganismes (LIPM)

Centre de Recherche : Inra Occitanie Toulouse

10 mots-clés : biologie des systèmes, modélisation mathématique, bioinformatique, métabolisme, plante, pathogène, *Ralstonia solanacearum*, *Xylella fastidiosa*, tomate

Résumé : (contexte et enjeux ; résultats ; perspectives ; valorisation)

Les études sur les phytopathogènes se sont principalement focalisés sur les mécanismes biomoléculaires de virulence tels que les systèmes de sécrétion ou les interactions entre effecteurs de virulence et système immunitaire de la plante. Le côté physiologique et besoins nutritifs des pathogènes a, en revanche, été très peu étudié. Pourtant, sans accès à un substrat permettant de soutenir leur croissance, les pathogènes sont incapables de s'installer chez l'hôte. Il est donc important de comprendre les modalités de croissance de phytopathogènes et leur lien avec leurs stratégies de virulence. En particulier, les questions biologiques dont on recherche la réponse sont

- i) Quelles sont les conditions rencontrées par le pathogène chez la plante ?
- ii) Quelles sont les sources d'énergie soutenant la croissance et la virulence du pathogène ?
- iii) Existe-t-il des différences entre cultivars ou souches pathogènes ?
- iv) Existe-t-il des stratégies de virulence visant à modifier le métabolisme de la plante vers la production de substrats favorables à la croissance du pathogène ?

Les outils de la biologie des systèmes, et plus particulièrement la modélisation métabolique, sont parfaitement adaptés pour répondre à ces questions. En effet, ils permettent de formaliser les systèmes complexes de manière rigoureuse, d'avoir une vision globale et générique, de faire des bilans matières complets et surtout de faire un lien entre physiologie observée (croissance, excrétion de facteur de virulence, déplétion des substrats) et données génomiques (génome, transcriptome, protéome). Ces approches ont déjà fait leur preuve dans le domaine des biotechnologies et de la biologie de synthèse pour l'optimisation de la production de molécules d'intérêts. Leur adaptation au domaine de la pathologie des plantes peut aider à déchiffrer les interactions trophiques entre plante et pathogènes.

Après une brève présentation des techniques de modélisation utilisées, deux exemples de l'apport de la modélisation métabolique pour la pathologie des plantes seront présentés.

Le premier exemple est la reconstruction du réseau métabolique de *Xylella fastidiosa* (souches CFBP8418 et 9a5c), phytopathogène bactérien responsables de nombreuses maladies dont l'«Olive Scorch» en Italie. L'étude *in silico* du métabolisme de cette souche a permis de révéler certaines particularités métaboliques qui impactent fortement la robustesse du pathogène et qui pourrait expliquer en partie sa croissance lente.

Le second exemple est la reconstruction et la modélisation semi-automatique des réseaux métaboliques des souches du complexe d'espèces *Ralstonia solanacearum*, bactéries pathogènes provoquant le flétrissement de nombreuses plantes. L'étude *in silico* a montré que l'architecture des réseaux métaboliques est liée à la phylogénie des souches, ainsi qu'au style de vie particulier de certaines souches (tel *BDB R229*, transmise par pique d'insecte contrairement aux autres souches qui survivent dans le sol et s'insèrent par les racines).

Références bibliographiques :