

AVIS DE SOUTENANCE DE THÈSE

DOCTORAT (Arrêté du 26 août 2022 modifiant l'arrêté du 25 mai 2016)

Madame Amélie CADDEO

candidate au diplôme de Doctorat de l'Université d'Angers, est autorisée à soutenir publiquement sa thèse

le 03/07/2026 à 09h00

Faculté des Sciences

AMPHI L003

2, boulevard Lavoisier

49045 ANGERS Cedex 01

sur le sujet suivant :

Modélisation dynamique du microbiote de la graine : Compréhension et optimisation de son rôle dans les mécanismes de contrôle des phytopathogènes

Directeur de thèse : **Monsieur Matthieu BARRET**

Composition du jury :

Monsieur Benoît ALUNNI, Directeur de Recherche INRAE, Institut Jean-Pierre Bourgin, Rapporteur

Madame Valentina BALDAZZI, Chargée de recherche HDR INRAE, Institut Sophia Agrobiotech, Rapportrice

Monsieur Matthieu BARRET, Directeur de recherche Université d'Angers, Directeur de thèse

Monsieur Thomas GUILLEMETTE, Professeur des Universités Université d'Angers, Examinateur

Monsieur Rémi PEYRAUD, CEO IMEAN Toulouse, Co-encadrant

Madame Lucie POULIN, Maîtresse de Conférences Nantes Université, Examinatrice

Résumé de la thèse

Le microbiote végétal est considéré comme la première ligne de défense contre la colonisation d'agents phytopathogènes. Une façon de modifier sa composition afin de le rendre résistant à l'invasion d'agents pathogènes consiste à y inoculer des communautés synthétiques (SynComs). La conception de ces SynComs se fait généralement de manière empirique, ce qui est chronophage. Des approches méthodologiques *in silico* permettent désormais de simuler et de prédire la dynamique des SynComs à haut débit. Ces méthodes s'appuient sur les interactions trophiques entre micro-organismes, notamment par le biais de la compétition pour les ressources et d'échange de nutriments. Le présent travail a utilisé des modèles métaboliques à l'échelle du génome (GEMs) et des approches de « dynamic Flux Balance Analysis » (dFBA) pour reconstruire et simuler la dynamique des SynComs. L'étude porte sur l'agent phytopathogène bactérien *Xanthomonas citri* pv. *fuscans* (*Xcf*) et sur dix souches bactériennes isolées du microbiote de graines de haricots. Des modèles GEMs ont été reconstruits pour les souches du microbiote et *Xcf*. Les taux d'absorption des métabolites ont d'abord été déterminés à l'aide d'expériences sur microplaques à haut débit. L'approche *in silico* basée sur les GEMs et la dFBA a prédit avec précision la croissance des souches et a pu donc être utilisée pour évaluer l'importance des interactions trophiques dans la structure des communautés. Les simulations de la dynamique des SynComs ont mis en évidence l'importance du rôle des interactions trophiques dans la formation de la structure des communautés et la régulation de la croissance de *Xcf*. La combinaison des réseaux de régulation et métaboliques de *Xanthomonas* a également révélé l'impact négatif des facteurs de virulence, notamment la biosynthèse des exopolysaccharides, sur la croissance de *Xcf*. Le cadre de modélisation peut désormais être étendu pour simuler la dynamique des communautés *in situ*, notamment en ce qui concerne les interactions avec l'hôte et la répartition spatiale des souches.