

programme de recherche (ANR COMBICONTROL 2015-2018) qui fait interagir des partenaires académiques et privés de la filière plants de pomme de terre (FN3PT et CNPPT). Il s'agit de mieux comprendre ces pathogènes afin de proposer les méthodes de lutte appropriées dans le contexte EcoPhyto.

Nous avons déjà séquencé et analysé les génomes de 19 souches de *D. solani* et 12 souches de *D. dianthicola*. Les comparaisons génétiques (doctorats de S. Khayi et P. Blin) nous ont permis d'identifier des régions qui sont uniques à chacune de ces espèces : il s'agit des traits d'espèces. La question ouverte dans ce projet est de savoir si ces traits d'espèces contribuent l'agressivité ou la compétitivité de *D. solani* et *D. dianthicola* dans l'environnement, c'est-à-dire savoir si ces traits d'espèces sont (ou pas) des traits d'émergence de ces nouveaux pathogènes de la pomme de terre.

Le projet s'organise autour de 2 actions principales :

1. Mesurer la dynamique (co-existence/exclusion) des espèces *D. solani* et *D. dianthicola* en présence ou absence des espèces de *Pectobacterium* lors d'essais en serre ;
2. Construire et utiliser des mutants de *D. solani* et *D. dianthicola* affectés dans les régions spécifiques de chacune de ces espèces afin d'en évaluer l'impact sur la virulence et/ou la colonisation de l'hôte pomme de terre.

Ce projet mobilisera des approches en microbiologie moléculaire environnementale : cultures végétale et bactérienne, essai en serre, construction génétique, suivi dans le sol et la plante par qPCR ...

Exemples de publications récentes (2009-2015) de l'équipe sur le sujet :

- S. Khayi, P. Blin, J. Pédrón, TM Chong, KG Chan, M Moumni, V Hélias, F Van Gijsegem, D Faure. Population genomics reveals additive and replacing horizontal gene transfers in the emerging pathogen *Dickeya solani*. Soumis
- Y. Raoul des Essarts, S. Mondy, V. Hélias and D. Faure. 2015. Genome sequence of the potato plant pathogen *Dickeya dianthicola* strain RNS04.9. **Genome Announcement** Genome Announc. 3(3):e00581-15.
- A. Kwasiborski, S. Mondy, TM. Chong, C. Barbey, KG. Chan, A. Beury-Cirou, X. Latour, D. Faure. 2015. Transcriptome of the quorum-sensing signal-degrading *Rhodococcus erythropolis* responds differentially to virulent and avirulent *Pectobacterium atrosepticum*. **Heredity** 114: 476-484.
- S. Khayi, Y. Raoul des Essarts, A. Quêtu-Laurent, M. Moumni, V. Hélias, D. Faure. 2015. Genomic overview of the phytopathogen *Pectobacterium wasabiae* strain RNS 08.42.1A suggests horizontal acquisition of quorum-sensing genes. **Genetica** 143:241-252.
- S. Khayi, Y. Raoul des Essarts, S. Mondy, M. Moumni, V. Hélias, A. Beury-Cirou, D. Faure. 2015. Draft genome sequences of the three *Pectobacterium*-antagonistic bacteria *Pseudomonas brassicacearum* PP1-210F and PA1G7 and *Bacillus simplex* BA2H3. **Genome Announcement** 3(1):e01497-14.
- J. Cigna, Y. Raoul des Essarts, S. Mondy, V. Hélias, A. Beury-Cirou, D. Faure. 2015. Draft genome sequence of *Pseudomonas fluorescens* strains PA4C2 and PA3G8 and *Pseudomonas putida* PA14H7, three biocontrol bacteria against *Dickeya phytopathogens*. **Genome Announcement** 3(1):e01503-14.
- J. Pédrón, S. Mondy, Y. Raoul des Essarts, F. Van Gijsegem and D. Faure. 2014. Genomic and metabolic comparison with *Dickeya dadantii* 3937 reveals the emerging *Dickeya solani* potato pathogen to display distinctive metabolic activities and T5SS/T6SS-related toxin repertoire. **BMC Genomics** 15:283.
- A. Kwasiborski, S. Mondy, A. Beury-Cirou, D. Faure. 2014. Genome sequence of the quorum-quenching *Rhodococcus erythropolis* strain R138. **Genome Announcement** 2(2): e00224-14.
- S. Khayi, S. Mondy, A. Beury-Cirou, M. Moumni, V. Hélias, D. Faure. 2014. Genome of the emerging plant pathogen *Dickeya solani* strain RNS08.23.3.1A. **Genome Announcement** 2(1): e01270-13.