

## RÉSUMÉ

Des travaux récents ont montré que des espèces de *Bacillus sensu lato*, et en particulier celles du genre *Paenibacillus*, peuvent être impliquées dans une interaction avec les plantes. L'une d'elle, *Paenibacillus polymyxa* fréquemment isolée de la rhizosphère du blé possède des propriétés intéressantes dans la rhizosphère et des inoculations bactériennes ont montré qu'elle représente un bon potentiel pour améliorer la croissance et la santé des plantes.

Une approche populationnelle des *P. polymyxa* dans différents sols algériens a été choisie afin de connaître la diversité des populations indigènes et leur structuration dans la rhizosphère du blé. Une méthode originale faisant appel à l'immunopréciipitation avait permis dans une étude précédente (Guemouri, 1992) d'isoler cent onze souches à partir de cinq sols d'Algérie, cultivés en blé dur depuis des temps variant de cinq à plusieurs centaines d'années.

L'ambiguïté de l'identification biochimique classique (API 50CHB) de certaines de ces souches a pu être levée grâce à l'utilisation des outils moléculaires de la taxonomie ciblant le gène *rrs* codant pour l'ARNr 16S de la petite sous unité du ribosome. La méthode de l'ARDRA (Amplified Ribosomal Restriction Analysis) appliquée aux souches type des espèces proches de *P. polymyxa* a permis de sélectionner deux enzymes de restriction AluI, et NdeII discriminantes pour cette espèce. Les profils ARDRA des souches de la rhizosphère du blé dur sont identiques à ceux de la souche type de *P. polymyxa*. L'étude phylogénétique de quelques souches par séquençage du gène *rrs* a permis de confirmer ce résultat : les séquences des souches du blé dur, ont 99,9 % de similitude avec celles des souches de référence de *P. polymyxa*. Elles forment un groupe monophylétique et appartiennent donc à *P. polymyxa*.

L'étude de la diversité intraspécifique des populations de *P. polymyxa* du blé dur par génotypage du marqueur neutre ERIC-PCR a permis de connaître la structure génétique des populations de chaque sol et de les comparer. Plus la culture du blé dur est ancienne plus la diversité génotypique des *P. polymyxa* mesurée par l'indice de Simpson est faible. Le même résultat est obtenu avec les tests biochimiques et la mesure de réduction d'acétylène montre que la fréquence des fixateurs d'azote dans ces populations augmente avec l'ancienneté de la culture du blé. Le test du Chi2 a montré que les populations isolées des sols où la culture du blé dur est la plus récente (70, 26 et 5 ans) ont la même structure génétique alors que les deux sols cultivés depuis plus de 100 ans avec du blé dur ont une structure unique caractérisée par la dominance d'un type bactérien.

Des souches représentatives des populations de *P. polymyxa* de chaque sol ont été testées *in vitro* pour leur capacité d'antibiose envers des champignons pathogènes des céréales et d'autres plantes et se sont révélées avec quelques variations, efficaces sur les deux milieux PDA et B de King y compris contre l'agent du Bayoud, fléau actuel des palmeraies. Ces souches ont également montré une activité xyloglucanase inductible qui peut être impliquée dans l'interaction avec les racines des plantes et les autres microorganismes rhizosphériques. Cette activité ainsi que l'antibiose ne sont pas modulées dans les populations de *P. polymyxa* selon l'âge de la culture du blé de leur sol d'isolement.

Ce travail permet de montrer que les populations de *P. polymyxa* isolées de la rhizosphère du blé dur dans différents sols ont des structures de population qui dépendent de l'ancienneté de la culture du blé. Les *P. polymyxa* ont une diversité qui diminue progressivement au cours du temps avec augmentation de la fréquence des fixateurs d'azote et apparition d'un type dominant qui pourrait être le plus compétitif pour la vie rhizosphérique. Ces populations peuvent jouer un rôle dans l'antagonisme contre les pathogènes rhizosphériques et ont une activité xyloglucanase dont les fonctions multiples seraient un atout dans la rhizosphère.

**Mots clés :** Adaptation, *Paenibacillus polymyxa*, Blé dur, Sols algériens, Diversité bactérienne, Rhizosphère, Antibiose, Fixation d'azote, Activité xyloglucanasique, ARDRA, ERIC – PCR, Séquençage.