

MINISTRE DE L'ENSEIGNEMENT
SUPERIEUR ET DE LA RECHERCHE
SCIENTIFIQUE

REPUBLIQUE DU MALI

Un peuple - Un But - Une Foi

UNIVERSITE DES SCIENCES TECHNIQUES ET DES
TECHNOLOGIES DE BAMAKO



U.S.T.T-B

FACULTE DE PHARMACIE

ANNEE UNIVERSITAIRE 2022-2023



N°...../

TITRE

**Diversité génétique des
Xanthomonas oryzae du riz dans
le bas-fond et en zone irriguée**

THESE

Présentée et soutenue publiquement le/1er/ 02/2024 devant le jury de la Faculté de Pharmacie

Par Mme. Haoussa SOUNKORO

Pour l'obtenir le grade de Docteur en Pharmacie

(Diplôme d'Etat)

JURY :

Président : M. Ababacar I. MAIGA, Professeur (FAPH)

Membre : M. Cheick TEKETE, Maitre de conférence (FST)

Co-directeur : M. Ibrahim KEITA, Assistant (FMOS)

Directeur : M. Ousmane KOITA, Professeur (FAPH)

**LISTES DES ENGEIGNANTS DE
LA FACULTE DE PHARMACIE**

**LISTE DES MEMBRES DE L'ADMINISTRATION ET DU CORPS
ENSEIGNANT A LA FACULTÉ DE PHARMACIE ANNEE
UNIVERSITAIRE 2022-2023**

➤ **ADMINISTRATION**

Doyen : Boubacar TRAORE, Professeur

Vice-doyen : Sékou BAH, Maître de Conférences

Secrétaire principal : Seydou COULIBALY, Administrateur Civil

Agent comptable : Ismaël CISSE, Contrôleur des Finances.

➤ **PROFESSEURS HONORAIRES**

N°	PRENOMS	NOM	SPECIALITE
1	Flabou	BOUGOUDOOGO	Bactériologie-Virologie
2	Boubacar Sidiki	CISSE	Toxicologie
3	Bakary Mamadou	CISSE	Biochimie
4	Abdoulaye	DABO	Malacologie -Biologie animale
5	Daouda	DIALLO	Chimie Générale et Minérale
6	Mouctar	DIALLO	Parasitologie-mycologie
7	Souleymane	DIALLO	Bactériologie - Virologie
8	Kaourou	DOUCOURE	Physiologie humaine
9	Ousmane	DOUMBIA	Chimie thérapeutique
10	Boukassoum	HAÏDARA	Législation
11	Gaoussou	KANOUTE	Chimie analytique
12	Alou A.	KEÏTA	Galénique
13	Mamadou	KONE	Physiologie
14	Brehima	KOUMARE	Bactériologie /Virologie
15	Abdourahamane S.	MAÏGA	Parasitologie
16	Saïbou	MAÏCA	Législation
17	Elimane	MARIKO	Pharmacologie
18	Mahamadou	TRAORE	Génétique
19	Sékou Fantamadv	TRAORC	Zoologie
20	Yaya	COULIBALY	Législation

➤ **PROFESSFURS DECEDES**

N°	PRENOMS	NOMS	SPECIALITE
1	Mahamadou	CISSE	Biologie
2	Drissa	DIALLO	Pharmacognosie
3	Moussa	HARAMA	Chimie analytique
4	Mamadou	KOUMARE	Pharmacognosie
5	Moussa	SANOGO	Gestion pharmaceutique

➤ **DER: SCIENCES BIOLOGIQUES ET MÉDICALES**

1. PROFESSEUR/DIRECTEUR DE RECHERCHE

N°	PRENOMS	NOMS	GRADE	SPECIALITE
1	Mounirou	BABY	Professeur	Hématologie
2	Mahamadou	DIAKITE	Professeur	Immunologie- Génétique
3	Alassane	DICKO	Professeur	Santé Publique
4	Abdoulaye	DJIMDE	Professeur	Parasitologie- Mycologie
5	Amagana	DOLO	Professeur	Parasitologie- Mycologie
6	Aldjouma	GUINDO	Professeur	Hématologie. Chef de DER
7	Akory Ag	IKNANE	Professeur	Santé Publique/Nutritio n
8	Kassoum	KAYENTAO	Directeur de recherche	Santé publ./ Bio- statistique
9	Ousmane	KOITA	Professeur	Biologie- Moléculaire
10	Issaka	SAGARA	Directeur de recherche	Bio-statistique
11	Boubacar	TRAORE	Professeur	Parasitologie- Mycologie

Diversité génétique des *Xanthomonas oryzae* du riz dans le bas-fond et en zone irriguée

8	Souleymane	DAMA	Maître de conférences	Parasitologie - Mycologie
9	Laurent	DEMBELE	Maître de conférences	Biotechnologie-Microbienne
10	Seydina S. A.	DIAKITE	Maître de conférences	Immunologie
11	Fatou	DIAWARA	Maître de conférences	Epidémiologie
12	Ibrahima	GUINDO	Maître de conférences	Bactériologie Virologie
13	Amadou Birama	NIANGALY	Maître de conférences	Parasitologie – Mycologie
14	Fanta	SANGO	Maître de conférences	Santé publ/Santé commun.
15	Yéya dit Dadio	SARRO	Maître de conférences	Epidémiologie

2. MAITRE ASSISTANT/CHARGE DE RECHERCHE

N°	PRENOMS	NOMS	GRADE	SPECIALITE
1	Mohamed	AG BARAIKA	Maître-Assistant	Bactériologie-Virologie
2	Charles	ARAMA	Maître-Assistant	Immunologie
3	Boubacar Tiétiè	BISSAN	Maître-Assistant	Biologie clinique
4	Seydou Sassou	COULIBALY	Maître-Assistant	Biochimie Clinique
5	Klétigui Casimir	DEMBELE	Maître-Assistant	Biochimie Clinique
6	Yaya	GOITA	Maître-Assistant	Biochimie Clinique
7	Aminatou	KONE	Maître-Assistant	Biologie moléculaire
8	Birama Apho	LY	Maître-Assistant	Santé publique
9	Dinkorma	OUOLOGUEM	Maître-Assistant	Biologie Cellulaire

4. ASSISTANT/ATTACHE DE RECHERCHE

N°	PRENOMS	NOMS	GRADE	SPECIALITE
1	Djénéba	COULIBALY	Assistant	Nutrition/Diététique
2	Issa	DIARRA	Assistant	Immunologie
3	Merepen dit Agnès	GUINDO	Assistant	Immunologie
4	Falaye	KEITA	Attaché de Recherche	Santé Publique/Santé Environn.
5	N'Deye Lallah Nina	KOITE	Assistant	Nutrition
6	Djakaridia	TRAORE	Assitant	Hématologie

➤ DER : SCIENCES PHARMACEUTIQUES

1. PROFESSEUR/DIRECTEUR DE RECHERCHE

N°	PRENOMS	NOM	Grade	SPECIALITE
1	Rokia	SANOGO	Professeur	Pharmacognosie Chef de DER

2. MAITRE DE CONFERENCES/MAITRE DE RECHERCHE

N°	PRENOMS	NOM	Grade	SPECIALITE
1	Loséni	BENGALY	Maitre de Conférences	Pharmacie hospitalière
2	Mahamane	HAIDARA	Maitre de Conférences	Pharmacognosie

3. MAITRE ASSISTANT/CHARGE DE RECHERCHE

N°	PRENOMS	NOM	Grade	SPECIALITE
1	Bakary Moussa	CISSE	Maitre-Assistant	Galénique
2	Issa	COULIBALY	Maitre-Assistant	Gestion
3	Balla Fatogoma	COULIBALY	Maitre-Assistant	Pharmacie hospitalière
4	Adama	DENOU	Maitre-Assistant	Pharmacognosie
5	Hamma Boubacar	MAÏGA	Maitre-Assistant	Galénique
6	Adiaratou	TOGOLA	Maitre-Assistant	pharmacognosie

4. ASSISTANT/ATTACHE DE RECHERCHE

N°	PRENOMS	NOM	Grade	SPECIALITE
1	Seydou Lahaye	COULIBALY	Assistant	Gestion pharmaceutique
2	Daouda Lassine	DEMBELE	Assistant	Pharmacognosie
3	Sékou	DOUMBIA	Assistant	Pharmacognosie
4	Assitan	KALOGA	Assistant	Législation
5	Ahmed	MAÏGA	Assistant	Législation
6	Aichata Ben Adam	MARIKO	Assistant	Galénique
7	Aboubacar	SANGHO	Assistant	Législation
8	Bourama	TRAORE	Assistant	Législation
9	Sylvestre	TRAORÉ	Assistant	Gestion pharmaceutique
10	Aminata Tiéba	TRAORE	Assistant	Pharmacie hospitalière
11	Mohamed dit Sarmove	TRAORE	Assistant	Pharmacie hospitalière

➤ DER : SCIENCES DU MEDICAMENT

1. PROFESSEUR/DIRECTEUR DE RECHERCHE

N°	PRENOMS	NOM	Grade	SPECIALITE
1	Sékou	BAH	Professeur	Pharmacologie

Diversité génétique des *Xanthomonas oryzae* du riz dans le bas-fond et en zone irriguée

2	Benoit Yaranga	KOUMARE	Professeur	Chimie Analytique
3	Ababacar I.	MAÏGA	Professeur	Toxicologie

1. MAITRE DE CONFERENCES/MAITRE DE RECHERCHE

N°	PRENOMS	NOM	Grade	SPECIALITE
1	Tidiane	DIALLO	Maitre de Conférences	Toxicologie
2	Hamadoun Abba	TOURE	Maitre de Conférences	Bromatologie Chef de DER

2. MAITRE ASSISTANT/CHARGE DE RECHERCHE

N°	PRENOMS	NOM	Grade	SPECIALITE
1	Dominique Patomo	ARAMA	Maitre-Assistant	Pharmacie chimique
2	Mody	CISSE	Maitre-Assistant	Chimie thérapeutique
3	Ousmane	DEMBELE	Maitre-Assistant	Chimie thérapeutique
4	Madani	MARIKO	Maitre-Assistant	Chimie Analytique
5	Karim	TRAORE	Maître-Assistant	Pharmacologie

3. ASSISTANT/ATTACHE DE RECHERCHE

N°	PRENOMS	NOM	Grade	SPECIALITE
1	Mahamadou	BALLO	Assistant	Pharmacologie
2	Dalave Bernadette	COULIBALY	Assistant	Chimie analytique
3	Blaise	DACKOOU	Assistant	Chimie Analytique
4	Fatoumata	DAOU	Assistant	Pharmacologie
5	Abdourahamane	DIARA	Assistant	Toxicologie
6	Aiguerou dit Abdoulaye	GUINDO	Assistant	Pharmacologie
7	Mohamed El Béchir	NACO	Assistant	Chimie analytique
8	Mahamadou	TANDIA	Assistant	Chimie Analytique
9	Dougoutigui	TANGARA	Assistant	Chimie analytique

➤ **DER : SCIENCES FONDAMENTALES**

1. PROFESSEUR/DIRECTEUR DE RECHERCHE

N°	PRENOMS	NOM	Grade	SPECIALITE
-	-	-	-	-

2. MAITRE DE CONFERENCES/MAITRE DE RECHERCHE

N°	PRENOMS	NOM	Grade	SPECIALITE
1	Lassana	DOUMBIA	Maitre de Conférences	Chimie appliquée
2	Abdoulaye	KANTE	Maitre de Conférences	Anatomie
3	Boubacar	YALCOUYE	Maitre de Conférences	Chimie organique

3. MAITRE ASSISTANT/CHARGE DE RECHERCHE

N°	PRENOMS	NOM	Grade	SPECIALITE
1	Mamadou Lamine	DIARRA	Maitre-Assistant	Botanique-Biol. Végét Chef de DER
2	Boureima	KELLY	Maître-Assistant	Physiologie médicale

4. ASSISTANT/ATTACHE DE RECHERCHE

N°	PRENOMS	NOM	Grade	SPECIALITE
1	Seydou Simbo	DIAKITE	Assistant	Chimie organique
2	Modibo	DIALLO	Assistant	Génétique
3	Moussa	KONE	Assistant	Chimie Organique
4	Massiriba	KONE	Assistant	Biologie Entomologie

➤ **CHARGES DE COURS (VACATAIRES)**

N°	PRENOMS	NOM	SPECIALITE
1	Cheick Oumar	BAGAYOKO	Informatique
2	Babou	BAH	Anatomie
3	Souleymane	COULIBALY	Psychologie
4	Yacouba M	COULIBALY	Droit commercial
5	Moussa I	DIARRA	Biophysique
6	Satigui	SIDIBÉ	Pharmacie vétérinaire
7	Sidi Boula	SISSOKO	Histologie- embryologie
8	Fana	TANGARA	Mathématiques
9	Djénébou	TRAORE	Sémiologie et Pathologie médicale
10	Mahamadou	TRAORE	Génétique
11	Boubacar	ZIBEÏROU	Physique



P/Le Doyen PO
Le Secrétaire Principal


Seydou COULIBALY
Administrateur Civil

**DEDICACES ET
REMERCIEMENTS**

Dédicace

Je dédie ce travail à :

- *Mon père, Feu Hasseye Mamadou SOUNKORO, qui malheureusement n'a pas eu la joie d'assister à l'accomplissement de cette thèse. Ta fille chérie, Haoussa.*
- *Ma mère, Mariam MAYENTAO, une femme battante, qui a toujours été là pour nous soutenir avec sa source inépuisable d'amour, de bienfaits et des prières.*

Remerciements

A Allah, le tout puissant, le clément et miséricordieux. Vous qui savez tout, qui avez voulu et permis que ces jours arrivent, sans votre volonté rien ne serait possible. Merci ya Allah pour le vécu et pour le futur.

Cette thèse est le fruit d'un travail d'équipe et nous voudrions exprimer notre reconnaissance à l'endroit de toutes ces bonnes volontés qui, d'une manière ou d'une autre, ont contribué au bon déroulement et à l'aboutissement de notre travail.

Nous exprimons notre profonde reconnaissance au Pr Koita Ousmane mon directeur de thèse.

Nous tenons particulièrement à témoigner toute notre gratitude à nos encadreurs. Merci pour vos disponibilités, vos soutiens multiformes à travers vos conseils.

Nous remercions tous les membres de notre comité de thèse pour leurs analyses critiques et constructives tout au long de ma thèse. Vous avez joué un rôle fondamental dans la réalisation de cette thèse.

A tous mes enseignants depuis le primaire jusqu'à la faculté.

A l'ensemble du corps professoral de la faculté de pharmacie pour la qualité des cours dispensés.

A mes frères et sœurs : Daouda SOUNKORO ; Korotoumou SOUNKORO ; Fatoumata SOUNKOROR ; Baber SOUNKORO ; Bamoye SOUNKORO ; Aboubacar SOUNKORO ; Bako SOUNKORO ; je ne sais comment vous exprimer ma gratitude pour ce que vous avez fait pour moi.

A mes cousin(e)s ; mes tontons et tantes ; merci pour l'accompagnement.

A tout le personnel du laboratoire de biologie moléculaire appliquée (LBMA). Merci pour l'accueil chaleureux.

A tout le personnel de l'unité biotechnologie du laboratoire de biologie moléculaire appliquée merci pour votre accueil et votre collaborations et disponibilité. Ce travail est le vôtre.

A mes aînés docteurs, mes camarades de la 14^{ème} promotions du numerus clausus sections pharmacie (Promotion feu Drissa Diallo) vos conseils et apports ont été précieux.

A Mme Dramé Sira Traoré en souvenir du beau temps passé ensemble dans la même chambre au point G.

A mes ami(e)s, connaissances et collaborateurs en souvenir de temps passé ensemble.

Diversité génétique des *Xanthomonas oryzae* du riz dans le bas-fond et en zone irriguée

Tous ceux d'une façon ou d'une autre qui ont contribué à la réalisation de ce travail.

Vous avez toute ma gratitude et ma reconnaissance éternelle.

**HOMMAGES AUX MEMBRES DU
JURY**

A NOTRE MAITRES ET PRESIDENT DU JURY

ABABACAR I. MAIGA

- **Professeur Titulaire en toxicologie à la faculté de pharmacie ;**
- **Ancien vice-Doyen de la faculté de pharmacie ;**
- **Ancien Directeur Adjoint de la DPM.**

Cher Maitre

C'est pour nous un grand honneur et surtout une fierté de vous avoir président de ce jury.

La spontanéité avec laquelle vous avez accepté de présider ce jury malgré vos multiples occupations nous a profondément touché. Nous vous prions cher maitres, d'accepter nos sincères remerciements.

Qu'Allah le Tout puissant vous accorde santé et prospérité.

A NOTRE MAITRE ET JUGE

CHEICK TEKETE

Maitre de conférences, phytopathologie (FST) ;

Chercheur au Laboratoire de Biologie Moléculaire Appliquée (LBMA).

Cher Maitre

Nous sommes très touchés par votre dynamisme et votre complaisance pour l'accomplissement du travail bien fait.

Vos critiques ; vos suggestions et votre disponibilité ont été d'un apport capital pour l'amélioration de la qualité de ce travail.

Veillez trouver ici le témoignage de notre profonde gratitude.

A NOTRE MAITRE ET CO-DIRECTEUR

IBRAHIM KEITA

- **Assistant en biologie moléculaire à la FMOS ;**
- **Attaché de recherche au laboratoire de Biologie Moléculaire Appliquée(LBMA) ;**
- **Candidat PhD à l'Université de Joseph Ki Zerbo de Ouagadougou.**

Cher Maître

Vous avez suivi pas à pas ce travail, prompt à répondre à toutes nos préoccupations et nous guider à chaque étape de sa réalisation.

Lentement, sûrement mais surtout avec rigueur, vous n'avez ménagé aucun effort pour faire de cette thèse ce qu'elle est aujourd'hui.

Votre amour pour le travail bien fait, votre grande humilité et votre dévouement sont quelques-unes de vos qualités qui nous ont marqués. Veuillez recevoir toute notre gratitude. Puisse le tout puissant Allah vous assister dans vos projets et vous donner une longue vie. Amen !

A NOTRE MAITRES ET DIRECTEUR DE THESE

PROFESSEUR OUSMANE KOITA

- **Pharmacien Biologiste (PharmD, PhD) ;**
- **Professeur titulaire de Parasitologie Moléculaire ;**
- **Responsable des cours de Biologie Moléculaire Appliquée à la faculté de Pharmacie ;**
- **Responsable du laboratoire de Biologie Moléculaire Appliquée (LBMA) ;**
- **Ancien Directeur Adjoint du Programme SEREFO.**

Cher Maitre

Vous nous avez fait un grand honneur en acceptant de nous confier ce travail.

Vous nous avez toujours réservé le meilleur accueil, malgré vos obligations professionnelles.

Votre encouragement inlassable, votre gentillesse et votre rigueur scientifiques méritent toute admiration. Nous saisissons L'occasion de ce travail pour vous exprimer notre profonde gratitude tout en vous témoignant notre respect.

Que Dieu le tout puissant vous accorde longue vie. Amen !

SIGLES ET ABREVIATIONS

Sigles et abréviations

LBMA : laboratoire de biologie moléculaire appliquée

PCR : réaction en chaîne par polymérisation

VNTR : nombre variable de répétition en tandem

BLB : flétrissement bactérien

BLS : strie foliaire bactérien

BB : flétrissement bactérien

PIB : produits intérieure brute

MLVA : analyse de plusieurs locus de répétition en tandem à nombre variable

ADRS : agence de développement rural de la vallée du fleuve Sénégal

OPIB : office du périmètre irrigué de Baguinéda

GPS : Géo-positionnement par satellite

PSA : peptone ; sucrose ; acide glutamique

ADN : acide désoxyribonucléique

UV : ultra-violet

UVP : ultra-violet photomètre

XOC : *Xanthomonas oryzae oryzicola*

CN : contrôle négative

XOO : *Xanthomonas oryzae oryzae*

RYMV : Virus de la panachure jaune du riz

**LISTES DES TABLEAUX ET
FIGURES**

Liste des tableaux

Tableau 1: Liste des amorces utilisées pour la PCR multiplexe	25
Tableau 2: Composition du mix réactionnel de la PCR multiplexe	25
Tableau 3: Liste des amorces et leurs séquences pour la PCR-VNTR.....	27
Tableau 4: répartitions de la Population d'études selon les localités	30

Liste des figures

Figure 1: Morphologie de la plante de riz	8
Figure 2: Images des symptômes du flétrissement bactérien (BLB)	12
Figure 3 : Image des symptômes de la strie foliaire (BLS)	12
Figure 4: Cycle de vie de la maladie (flétrissement bactérien et strie foliaire du riz)	15
Figure 5: Zone d'étude ; Bas-fonds dans la région de Kita	21
Figure 6: Zone d'étude ; périmètre irrigué de Baguinéda	22
Figure 7: image de souche de xanthomonas oryzae isolée	24
Figure 8: image du kit d'extraction Quanta bio	24
Figure 9: image d'un spectrophomètre Eppendorf	25
Figure 10: Image d'un Thermocycler de type Eppendorf AG nexus gradient	25
Figure 11: Image de l'UVP Gel Imaging System-DigiDoc-it 120	26
Figure 12: Image du gel de la PCR multiplex après électrophorèse (les souches de Kita)	31
Figure 13: Image du gel de la PCR multiplex après électrophorèse (les souches de Baguinéda)	31

SOMMAIRE

Sommaire

1. Introduction.....	1
2. Objectifs.....	4
2.1 Objectif général	4
2.2 Objectifs Spécifiques	4
3. Généralités.....	6
3.1 Généralités sur le riz et la riziculture.....	6
3.1.1 Botanique et taxonomie.....	6
3.1.2 Morphologie du plante de riz	7
3.1.3 Riziculture au Mali.....	8
3.1.4 Aspects économiques du riz au Mali.....	9
3.2 Généralités sur les maladies du riz en Afrique	10
3.2.1 <i>Xanthomonas oryzae</i>	11
3.2.1.1 Répartitions géographiques et Symptômes.....	Erreur ! Signet non défini.
3.2.1.2 Classifications de la bactérie	13
3.2.1.3 Propriétés biologiques et physico-chimique.....	13
3.2.1.4 Modes de transmission des <i>Xanthomonas oryzae</i>	14
3.2.1.5 Organisations génomique des <i>Xanthomonas oryzae</i>	15
3.2.2 Les moyens de préventions et de lutte contre les propagations des <i>Xanthomonas oryzae</i>	16
3.2.3 Détermination des pathovars de <i>X. oryzae</i> par la technique de PCR	16
3.2.4 L'utilisation de la technique VNTR (nombre variable de répétition en tandem).....	17
3.2.5 Technique de phénotypage des pathovars de <i>X. oryzae</i> dans la serre :	19
4. Matériels et méthodes.....	Erreur ! Signet non défini.
4.1 Cadre d'étude.....	21
4.1.1 Kita :	21
4.1.2 Baguinéda :	21
4.2 Type et période d'étude	22
4.3 Population d'étude :	22
4.4 Critère d'inclusion et non inclusion.....	22
4.4.1 Critère d'inclusion.....	22
4.4.2 Critère de non inclusion	22
4.5 Taille de l'échantillon.....	Erreur ! Signet non défini.
4.6 Collecte de donnée.....	23
4.7 Isolement des <i>Xanthomonas</i>	23
4.8 Identifications et caractérisations des souches de <i>Xanthomonas oryzae</i> dans les différents milieux.....	24
4.8.1 Extraction d'ADN	24

4.8.2	PCR Multiplexe.....	25
4.9	Comparaisons des profils génétiques selon les différents milieux	27
4.9.1	Analyses VNTR	27
5.	Résultats.....	30
5.1	Isolements des bactéries	30
5.2	Identification et caractérisation des souches:	30
5.3	Comparaison des profils génétiques	32
6.	DISCUSSION	Erreur ! Signet non défini.
7.	Conclusion et recommandations.....	42
7.1	Conclusion:	42
7.2	Recommandations:	43
8.	Références bibliographiques	45
9.	Annexes.....	39

INTRODUCTION

1. Introduction

Le riz (*Oryza sativa L.*) est le principal grain alimentaire consommé par près de la moitié de la population.

C'est une importante culture vivrière de base pour plus de 3,5 milliards de personnes dans le monde (Khush 2005) ; il fait vivre 60% de la population et fournit 40% des calories totales ; 20% des protéines nécessaires dans l'alimentation. Le riz reste une source majeure de la nutrition dans les pays en développement et sous-développés (Onasanya, Basso, et Somado 2010). Il joue un rôle important dans la production alimentaire mondiale. La demande de riz ne cesse d'accroître en raison de l'augmentation de la population mondiale (Onasanya, Basso, et Somado 2010).

Les stress biotiques limitent considérablement la production de riz et parmi eux, la maladie du flétrissement bactérien (BB) causée par *Xanthomonas oryzae oryzae* (Xoo) et la strie foliaire (BLS) causée par *Xanthomonas oryzae oryzicola* (Xoc) sont très importantes (Kumar et al. 2020). Les maladies telles que le flétrissement bactérien causé par *Xanthomonas oryzae oryzae*, la pyriculariose causée par *Magnaporthe oryzae* et la brûlure de la graine causée par *Rhizoctonia solani* réduisent considérablement les rendements de riz à l'échelle mondiale (Savary et al, 1998).

La réduction du rendement de riz par le flétrissement bactérien serait de 50% (Khush et al. 1989); et lors d'une infection grave elle peut réduire jusqu'à 81%. Ce qui en fait une des maladies les plus dévastatrices du riz (Ou, 1985) ; (Srinivasan et Gnanamanickam, 2005).

Le BB réduit considérablement les rendements du riz dans les écosystèmes de basses terres irriguées et pluviales hautement productifs. Dans ces dernières années la maladie se propage rapidement à d'autres écosystèmes rizicoles. En tant qu'agent pathogène vasculaire, Xoo interfère avec une gamme de processus d'échange physiologiques et biochimiques chez le riz.

Le pathogène non vasculaire *Xanthomonas oryzae pv. oryzicola* (Xoc) est connu pour provoquer la maladie bactérienne des stries foliaires (BLS) et considérée comme l'une des maladies les plus dévastatrices du riz (Cai et al. 2022).

La production agricole mondiale est fortement réduite par les maladies vasculaires (Lin et al. 2022) tel que le flétrissement bactérien du riz causé par *Xanthomonas oryzae pv. oryzae* est l'une des maladies les plus graves du riz (Chen, Laborda, et Liu 2020). La brûlure bactérienne est la troisième principale maladie du riz en Afrique de l'Ouest (Woperies et al 2008). Des études effectuées sur des

souches de *Xanthomonas* prélevées au Burkina Faso, au Niger et au Mali, indiquent qu'elles induisent des pertes importantes de rendements vis-à-vis des variétés testées (Séré et al 2005).

La strie foliaire du riz (BLS) causée par *Xanthomonas oryzae oryzicola* est considérée comme l'une des maladies la plus dévastatrice du riz. Les symptômes de la strie bactériennes sont très similaires à ceux de la brûlure bactérienne causée par *Xanthomonas oryzae oryzae* et *Xanthomonas oryzae oryzicola* au stade avancé de la maladie et se produisent souvent simultanément dans les rizières, de sorte que des feuilles séparées peuvent présenter des symptômes des deux maladies (Koroleva et al. 2022). Le statut de quarantaine et la sévérité de l'agent pathogène nécessitent une méthode de diagnostic très efficace, rapide et précise (Koroleva et al. 2022).

Contrairement à l'Asie, l'Afrique n'est pas autosuffisante sur la consommation du riz. L'Asie produit 90% du riz mondial contre 3,6% pour l'Afrique, cette dernière se plaçant même derrière les Caraïbes (4%) (Xavier GILLET 2011). Le Mali est le deuxième pays producteur de riz en Afrique de l'Ouest (PPAAO 2022).

Cependant, malgré l'expansion des surfaces emblavées et l'appui étatique, qui ont généré un accroissement de la production il reste toutefois dépendant des aléas climatiques (PPAAO 2022).

Dans les cas grave le champ entier semble avoir été brûlé. La propagation de ces maladies est favorisée par le vent, les nutriments minéraux stockés et mal équilibré dans le sol (Woperies et al 2008).

Le Mali fait partie des pays où la production du riz est très menacée par ces bactéries, face à cette situation, la recherche des moyens de lutte efficaces à court et moyen terme est devenue une priorité pour sécuriser la production agricole et réduire le volume des importations de riz (Baris, Zaslavsky, et Perrin 2005).

La réduction considérable de rendement du riz dans les écosystèmes de basses terres irriguées et pluviales et la propagation des maladies dans d'autres écosystèmes rizicoles sont des menaces pour la production mondiale du riz (Cai et al. 2022).

Le typage moléculaire des populations pathogènes est essentiel pour obtenir connaissance de leur diversité génétiques et de la dynamique des populations afin d'élaborer des stratégies efficaces de contrôle des maladies (Gilmour et al. 2013).

L'écologie pourrait être l'un des facteurs qui peuvent jouer sur la diversité génétiques des *Xanthomonas oryzae* dans les rizières. Cela nécessite une connaissance approfondie sur la diversité, C'est dans cette optique que nous nous sommes proposé d'étudier la diversité génétique des *Xanthomonas oryzae* isolées à Baguinéda et à Kita.

OBJECTIFS

2. Objectifs

2.1 Objectif général

Etudier la diversité génétique de *Xanthomonas oryzae* dans deux types de système rizicole (bas-fond et zone irriguée).

2.2 Objectifs Spécifiques

- 1- Isoler et identifier les bactéries issues d'échantillons de feuilles prélevées dans les différentes zones rizicoles du périmètre irrigué de Baguinéda et de bas-fonds de Kita;
- 2- Examiner la relation génétique entre les pathovars de *Xanthomonas oryzae* de périmètre irrigué de Baguinéda et ceux de bas-fonds de Kita par l'analyse VNTR;
- 3- Evaluer la diversité de *Xanthomonas oryzae* en fonction du système irrigué et de bas-fond.

GENERALITES

3. Généralités

3.1 Généralités sur le riz et la riziculture

3.1.1 Botanique et taxonomie

Le riz est une monocotylédone de la famille des *Poaceae* appartenant au genre *Oryza*, qui inclut plus de 20 espèces (R Portères 2016a), dont deux espèces cultivées à savoir *Oryza. Sativa* Linn et *Oryza. glaberrima* Steud (François-Xavier GILLET 2011; Sy 2014), (Chevalier 2018). Le genre *Oryza* serait originaire du Gondwana, il y a environ 130 millions d'années, avant la domestication des deux espèces cultivées et connues de nos jours : *Oryza sativa* L en Asie et *Oryza glaberrima* Steud en Afrique occidentale (Chevalier 2013), (Roland Portères 2016), (KABORE Emmanuel 2015).

Oryza. Sativa Linn :

Plante herbacée annuel dans lequel nous faisons rentrer toutes les formes de Riz cultivées en Asie et Malaisie (et dont certaines ont été introduites et se sont modifiées plus ou moins en Australie, Madagascar, Afrique, Europe, Amérique) n'est pas une espèce, mais une collection de groupes de formes dérivant de *O. fatua* et de *O. minuta* par sélection, mutation et hybridation (Chevalier 2018), (Roland Portères 2016). Il provient de 2 sous-espèces :

Japonica qui est originaire de la zone tempérée et subtropicale de l'Asie et se caractérise par un tallage moyen avec des grains larges et longs, des feuilles longues et larges. Elle s'est adaptée à la culture pluviale (Radanielina 2010).

Indica qui est originaire de l'Asie tropicale et se caractérisant par un fort tallage, des feuilles longues et fines avec des grains longs et minces. Elle est adaptée à la culture irriguée (Roland Portères 2016).

Oryza glaberrima Steud :

Cette espèce est cultivée en Afrique dans une région qui s'étend du delta du fleuve Sénégal à l'ouest, jusqu'au lac Tchad à l'est et à la côte du Golfe de Guinée au sud. Mais qui reste limitée au Sud-Est par les bassins de la Bénoué, du Logone et du Chari (Bezançon 2014). *Oryza. glaberrima* a néanmoins été observée dans certaines rizières des îles tanzaniennes de Zanzibar et de Pemba (Bezançon 2014). Il est de forme oblongue et le plus souvent de couleur rouge. Elle dérive d'*Oryza*

Longistaminata, elle-même issue d'*Oryza breviligulata*, elle peut toutes deux restées sauvages (KABORE Emmanuel 2015).

3.1.2 Morphologie du plante de riz

Le riz est une plante herbacée annuelle avec une tige ronde recouverte de feuilles sessiles plates en forme de lame et une panicule terminale (Sié et al. 2009). C'est une plante très souple qui pousse aussi bien en zone inondée qu'en zone non-inondée (Morphologie de la plante du riz 2012)

Il est constitué de racines fasciculées et de racines adventives disposées en couronne au premier nœud (R Portères 2016b) (Chevalier 2018). Sa tige ou chaume formée pendant la germination à partir de la tigelle est creuse et flexible et porte des nœuds et entre-nœuds qui s'allongent au fur et à mesure que la plante se développe (Chevalier 2013).

Son allongement devient plus importants après l'apparition des feuilles paniculaires, cependant les entre-nœuds de la base se raccourcissent et se concentrent vers le collet. Des tiges secondaires se développent tout autour de la tige principale pendant la phase végétative : elles sont appelées des talles (KABORE 2015).

Les feuilles prennent naissance à un nœud de la tige et sont constituées de deux parties : la gaine foliaire et le limbe foliaire. Chaque nœud donne naissance à une feuille. La gaine foliaire enveloppe la totalité de l'inter nœud et même dans certains cas le nœud suivant. Le limbe foliaire ou la partie terminale de la feuille est attachée au nœud par la gaine foliaire. La dernière feuille sous la panicule est appelée feuille paniculaires (M Lacharme 2001).

Son inflorescence est une panicule érigée ou pendante au niveau de l'entre-nœud terminal et porte des ramifications en grappes. L'épillet hermaphrodite fait du riz une plante fortement autogame. Il a quatre bractées mâles et possède deux glumes et deux glumelles. L'androcée est formé de six étamines disposées sur deux verticilles alternées et le gynécée à carpelle unique se prolonge par le style coiffé par le stigmate plumeux (KABORE 2015).

La graine de riz est constituée de l'ovaire fécondé, des glumes et glumelles, du rachis, des glumes stériles et éventuellement de la barbe. L'embryon est fusionné avec l'endosperme.

Les glumes et leurs structures associées constituent la balle et peuvent être séparées du grain par pression rotative (Le décorticage). Le grain décortiqué (le caryopse) est connu sur le marché comme du riz brun (ou entier) et doit son nom au péricarpe brun qui le couvre (Marc Lacharme 2001).

Sous des conditions climatiques favorables et exceptionnelles, la plante peut pousser pendant plus d'une année (M Lacharme 2001).

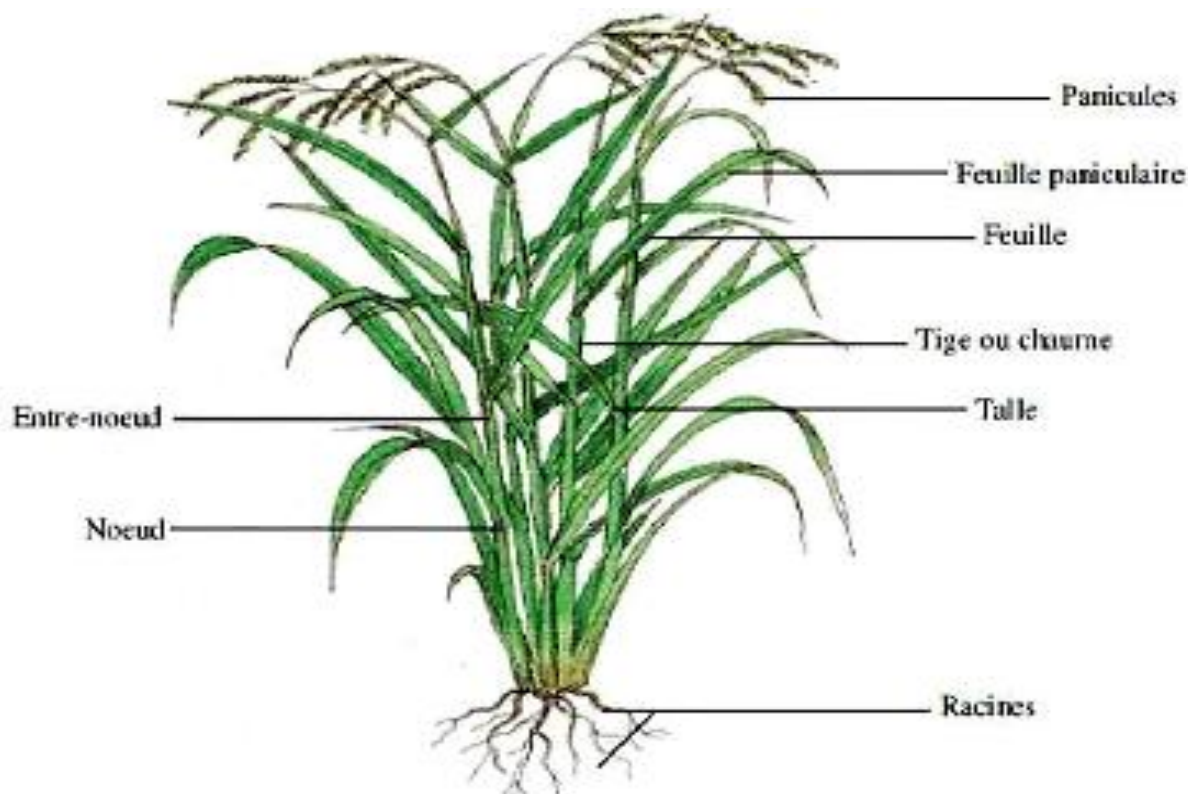


Figure 1: Morphologie de la plante de riz (KABORE 2015).

3.1.3 Riziculture au Mali

Au Mali le riz a un rôle central dans la sécurité alimentaire, qui reste un problème crucial pour le pays. Il dispose d'importantes potentialités rizicoles avec des superficies jugées aptes à l'irrigation évaluées à près de 2.200.000 ha. Cependant, ce potentiel n'est valorisé qu'à hauteur de 20 % et il est étroitement lié à l'évolution des systèmes de production qui sont: systèmes des grands et petits périmètres irrigués, en maîtrise totale de l'eau ; système de riziculture de submersion contrôlée et de bas-fonds, en maîtrise partielle ; système de riziculture fluviale de submersion libre ; système de riziculture pluviale (Coulibaly 2014).

Le riz est cultivé dans les bas-fonds et plaines du Sud le long du fleuve Niger dans le delta, et sur les périmètres aménagés. Les systèmes de culture sont dépendants de la source d'eau, d'où une grande variation de la productivité par hectare selon les systèmes de production(Coulibaly 2014).

Les différentes réformes institutionnelles et mesures incitatives engagées par l'état et les autres acteurs de la filière (notamment l'initiative Riz) ont considérablement augmenté la production du riz au niveau de tous les systèmes de riziculture (nonobstant la variation des chiffres selon les sources). La production nationale de riz a été de 2 millions tonnes en 2020/2021 (EAC/CPS, 2020/21).

A ces potentiels naturels, il convient d'ajouter le Delta intérieur du Niger qui constitue une véritable mer intérieure en périodes de crue sur plus de 64 000 km². Cette zone offre d'énormes opportunités pour la pêche, l'aquaculture, le transport fluvial, le tourisme, les échanges commerciaux, la recherche scientifique, etc. Du point de vue hydrographique, le Mali dispose de deux grands fleuves et de plusieurs affluents. Ce sont le fleuve Niger, le troisième fleuve d'Afrique, avec une longueur totale de 4 200 km dont 1 700 km au Mali (+40%) alors que le fleuve Sénégal traverse le pays sur 900 km pour une longueur totale de 1 700 km ; soit 53% au Mali(Coulibaly 2014).

Considéré comme un produit stratégique au Mali, le riz fait l'objet d'une attention particulière en termes de politiques publiques et d'enjeux politiques. Il est perçu comme la principale denrée permettant d'atteindre la sécurité alimentaire, d'améliorer les revenus des producteurs, et de satisfaire une demande urbaine croissante à un prix raisonnable. C'est pourquoi depuis la crise alimentaire de 2008, un accent particulier a été mis sur les politiques pouvant donner une impulsion nouvelle à la riziculture pour faire du Mali un pays durablement autosuffisant en riz voir exportateur de riz, dans la sous-région(Coulibaly 2014).

3.1.4 Aspects économiques du riz au Mali

Le riz est la deuxième céréale produite au monde après le maïs ; précédant le blé, elle prend la première place dans l'alimentation humaine(Xavier GILLET 2011).Il contribue également de manière substantielle à la croissance économique du pays(Coulibaly 2014).

La production de riz en Afrique est passée de 3,14 millions de tonnes à 14,60 millions de tonnes au cours des 5 dernières décennies. Pendant cette période, la superficie des terres cultivées a été multipliée par 3,3 de 2,5 millions d'hectares à 8,2 millions d'hectares, tandis que le rendement par unité de surface a enregistré une augmentation de 30 % passant de 1,24 t/ha à 1,78 t/ha. Il est non seulement consommé par les humains, il entre dans l'alimentation du bétail, dans l'industrie pour la transformation en acide acétique, glucose et amidon. Les agriculteurs locaux utilisent la paille et les tiges de riz pour tisser des toits, des chapeaux, des paniers et des sandales. La coque de riz non comestible est utilisée comme combustible, engrais et isolation (Havard 2016).

La politique de sécurité alimentaire visant à lutter contre les crises alimentaires, avec comme instruments: Le SNS (Stock national de sécurité) mis en place par le **PRMC** (Le programme de restructuration du marché céréalier) dans le cadre du processus de libéralisation du marché céréalier ; Le SIE (Stock d'intervention de l'État) mis en place plus récemment par le CSA (commissariat à la sécurité alimentaire). Le Commissariat à la sécurité alimentaire a été créé en 2004, et l'OPAM est son principal outil d'intervention. A travers lui, le CSA assure la mise en place des banques de céréales au niveau des communes. L'état seul décide de l'utilisation du SIE, c'est pourquoi ce stock

est dit «de souveraineté». Dans une perspective durable sur les plans économique et environnemental et dans le souci de justice sociale, l'Etat malien a élaboré un Programme National de Sécurité Alimentaire (2006-2015). Le véritable défi du PNSA est d'arriver à lever complètement l'essentiel de ces contraintes, ou tout au moins à les atténuer (Coulibaly 2014).

Initiative Riz au Mali :

Les crises alimentaires de 2005 et de 2008 ont réactivé la peur de manquer au Mali. De ce fait, ont revivifié le vieux projet colonial d'en faire du Mali un pays non seulement durablement autosuffisant mais également exportateur de riz en Afrique de l'Ouest. Cette céréale est considérée comme particulièrement stratégique, et nourrit des attentes excessives. Elle devrait permettre de lutter contre l'insécurité alimentaire et d'améliorer les revenus des producteurs tout en satisfaisant une demande urbaine croissante.

La production de riz en 2007 était estimée à 700 000 tonnes tandis que celle des céréales sèches atteignait environ 2,6 millions de tonnes³. Le mil, le sorgho et le maïs sont des denrées largement plus abordables que le riz et restent à la base de l'alimentation des ruraux et des urbains pauvres. C'est ainsi qu'en 2008 ; le gouvernement malien lançant ce programme de soutien dénommé « **INITIATIVE RIZ** » à la culture du riz, l'objectif du gouvernement malien était non seulement de démocratiser la consommation du riz ; lutter contre l'insécurité alimentaire et la nécessité d'acheter la paix sociale dans les villes maliennes, en une période où la question des prix des denrées alimentaires suscitait inquiétudes et trouble sociaux en Afrique (Roy 2010).

3.2 Généralités sur les maladies du riz en Afrique

Le riz, du fait de sa culture sous différents environnements et climats, se trouve confronté aux contraintes abiotiques comprenant la sécheresse, la pauvreté des sols, la toxicité ferreuse, aluminique et aux contraintes biotiques constituées des adventices, des nématodes, des insectes ravageurs, des oiseaux granivores, et les maladies, qui peuvent constituer une contrainte majeure à la production du riz (Woperies et al 2008)

Les maladies du riz sont causées pour la plupart par des champignons, des bactéries, ou des virus(Woperies et al 2008), (SERGHAT et al. 2004).

Elles se manifestent par un rabougrissement, un changement de couleur, un flétrissement et/ou un développement anormal de certains organes. Ces symptômes peuvent se localiser dans tous les organes de la plante. La *pyriculariose* causée par *Magnaporthe grisea* est la plus importante maladie fongique du riz, tandis que le flétrissement bactérien et la striure bactérienne sur les feuilles, causées respectivement par *Xanthomonas oryzae oryzae* et *Xanthomonas oryzae oryzicola* sont les contraintes majeurs d'origine bactérienne. Aujourd'hui il existe plusieurs virus décrits chez le riz

dans le monde. Parmi ces virus, deux sont particulièrement présents en Afrique. Il s'agit de la nécrose à rayures du riz et de la panachure jaune du riz. La nécrose à rayure causée par le *Rice stripe necrosis virus* a été décrite en Côte d'Ivoire en 2009 (Lozano et Morales 2009). Quant à la panachure jaune du riz, elle est considérée comme la plus importante contrainte biotique pour la riziculture en Afrique (Taylor 1997). Le flétrissement bactérien est la troisième principale maladie du riz en Afrique de l'ouest (Woperies et al 2008).

3.2.1 *Xanthomonas oryzae*

3.2.1.1 Répartitions géographiques et Symptômes

La brûlure bactérienne et la strie bactérienne sont endémiques dans une grande partie de l'Asie et dans certaine partie de l'Afrique de l'ouest (T. Mew et al. 1993b). *Xanthomonas oryzae oryzae* et *Xanthomonas oryzae oryzicola* provoquent la brûlure bactérienne et la strie bactérienne du riz (*Oryzae sativa*) qui limitent la production de cette culture de base dans une grande partie de l'Asie et dans certaines parties de l'Afrique (T. Mew et al. 1993b).

Brûlure bactérienne est répandu dans les zones tropicales et tempérées, et a également signalé en Australie, en Amérique latine et dans les Caraïbes (T. Mew et al. 1993b).

En revanche, la strie bactérienne est limité en grande partie aux régions tropicales et l'Asie subtropicale, y compris le sud de la Chine, la Thaïlande, la Malaisie,

l'Inde, le Viet Nam, les Philippines et l'Indonésie, mais il touche aussi régions rizicoles du nord de l'Australie (Awoderu, Bangura, et John 1991).

Et est récemment devenu un problème important dans certaines parties de l'Ouest

; Afrique. *Xanthomonas oryzae oryzae* provoque la brûlure bactérienne en envahissant le tissu vasculaire, tandis que *Xanthomonas oryzae oryzicola* provoque des stries bactériennes en colonisant le parenchyme. Dans une étude menée dans le sud de la Chine en 1957

la maladie a de nouveau été caractérisée comme distincte de la brûlure bactérienne et appelé raie bactérienne des feuilles. L'agent causal a été distingué de celle de la brûlure bactérienne

et a reçu le nom (*Xanthomonas oryzicola*) (Ou 1985a). En 1990

les deux agents pathogènes ont été élevés à leur statut actuel en tant que nouveau espèce et nommé (*Xanthomonas pv oryzae et pv oryzicola*). L'espèce réside

au sein de la famille des *Xanthomonadaceae* chez les *Gammaproteobacteria* (Goto 1992).



Figure 2: Image des symptômes du flétrissement bactérienne (BLB)



Figure 3 : Image des symptômes de la strie foliaire (BLS)

3.2.1.2 Classifications de la bactérie

Les deux bactéries ont récemment été ré-classifiées en tant que pathovars de *Xanthomonas oryzae* (Swings 1990).

Xanthomonas oryzae est une espèce Gram-négative en forme de bâtonnet, à bout rond.

Les cellules individuelles varient en longueur d'environ 0,7µm à 2,0µm et en largeur de 0,4 µm à 0,7 µm. Les cellules sont mobiles par moyen d'un seul flagelle polaire. Les dimensions du *Xanthomonas oryzae oryzae* sont 1,1-2,0 x 0,4-0,6 µm; celles du *Xanthomonas oryzae oryzicola* sont 1,0-2,5 x 0,4-0,6 µm. Bactérie à ADN monocaténaire dont la taille fait 331pb (Bradbury 1984).

A la différence des saprophytes jaunes courants, *X. oryzae oryzae* et *X. oryzae oryzicola* sont oxydants et inhibés par du chlorure de triphényl-tetrazolium à 0.1% (Bradbury 1984). Contrairement aux mammifères, les plantes ont une paroi cellulaire complexe et les bactéries doivent franchir cette barrière pour accéder aux nutriments. Ceci est réalisé par les bactéries par la destruction de la barrière de la paroi cellulaire au moyen de la sécrétion d'enzymes dégradant la paroi cellulaire (CDE) telles que la lipase/estérase (LipA), la cellulase (ClsA), la cellobiosidase (CbsA), la xylanase (XynB), etc., qui est l'une des stratégies de virulence les plus efficaces adaptées par les pathogènes bactériens (Agrios, 1997)

3.2.1.3 Propriétés biologiques et physico-chimique

Cette bactérie pénètre dans les racines ou les feuilles par les hydathodes ou par des plaies. Elle peut aussi pénétrer par les stomates, où les bactéries vont s'accumuler et ensuite suinter sur la surface de la feuille et entrer à nouveau par les hydathodes. Une fois dans le système conducteur, elle se multiplie et se déplace dans les deux sens. La dissémination se déroule par temps de pluie et de vent, mais principalement dans les eaux d'irrigation et d'inondation (Diallo 2021). Le matériel végétal infecté, les repousses de riz (Tall 2021), la paille ou des débris infectés et les adventices hôtes sont des sources potentielles d'inoculum, bien que le rôle exact de ces sources dans la nature soit mal connu (Diallo 2021). *Xanthomonas oryzae* est obligatoirement aérobie et ne forme pas de spores.

La température optimale de la croissance se situe entre 25 à 30°C. Comme le genre dans son ensemble, est catalase-positive, incapable de réduire les nitrates et un faible producteur d'acides à partir des glucides (Tall 2021).

Les pathovars *oryzae oryzicola* peuvent être différenciés par la production d'acétoïne

(X_{oo}, X_{oc}+), la croissance sur L-alanine comme seule source de carbone (X_{oo}, X_{oc}+), croissance de 0,2% acides casaminés sans vitamines (X_{oo}, X_{oc}+), et résistance aux 0,001 %

Cu(NO₃)₂ (X_{oo}+, X_{oc}-) (Gossele et al. 1985).

3.2.1.4 Modes de transmission des *Xanthomonas oryzae*

Xanthomonas oryzae oryzae a un certain degré de transmission par les semences est supposé exister (Hsieh, Buddenhagen, et Kauffman, 1974) mais (Murty et Devadath 1984) ont eu du mal à le démontrer expérimentalement - les semences infectées ne donnant pas naissance à des plantules infectées mais transmettant les bactéries dans le sol. (D. Singh, Vinther, et Mathur 1983) cependant, ont régulièrement observé la transmission en chambre climatisée en utilisant des échantillons très contaminés. D'après (R. N. Singh 1971) la bactérie ne peut pas survivre dans de la terre non stérile et ne survit que 15-38 jours dans de l'eau d'étang ou de champ, mais (Murty et Devadath 1982) ont démontré que ceci dépendait du type de sol.

(Raj et Pal 1988) n'ont pas pu obtenir une persistance pendant l'hiver dans les semences ni dans la terre, et n'ont observé la survie que dans les feuilles. Pour (Reddy 1972) *X. oryzae oryzae* survit de 7 à 8 mois dans les semences, mais 3-4 mois seulement dans la paille ou le chaume. (Kauffman et Reddy 1975) signalent que, bien que les glumes soient immédiatement infectés, des bactéries viables ne peuvent être détectées sur des semences conservées pendant 2 mois. Les bactériophages contribuent à la diminution de la quantité de bactéries dans les semences en germination. D'une façon générale, il est clair que les données concernant la survie et celles concernant les sources d'inoculum sont contradictoires. Il existe plusieurs races (ou pathotypes) différents, qui se distinguent par leur comportement sur différents cultivars (T. W. Mew 1987).

Xanthomonas oryzae oryzicola La bactérie pénètre dans la feuille par les stomates ou par des plaies. La dissémination dans un champ se fait par contact mécanique et dans les eaux de pluie ou d'irrigation; par temps favorable doux et humide, la maladie peut se développer rapidement et gravement. Le rôle des semences dans la transmission de la maladie est reconnu, celui des adventices par contre est mal connu. D'après (Rao 1987), la transmission par les semences peut se faire d'un été à l'autre, sauf si des semences d'été sont plantées en hiver, la bactérie ne pouvant pas s'établir par temps d'hiver frais et sec. La bactérie persiste pendant l'hiver dans des feuilles infectées et des débris, mais ne survit pas dans de la terre non stérile (Devadath et Dath 1970).

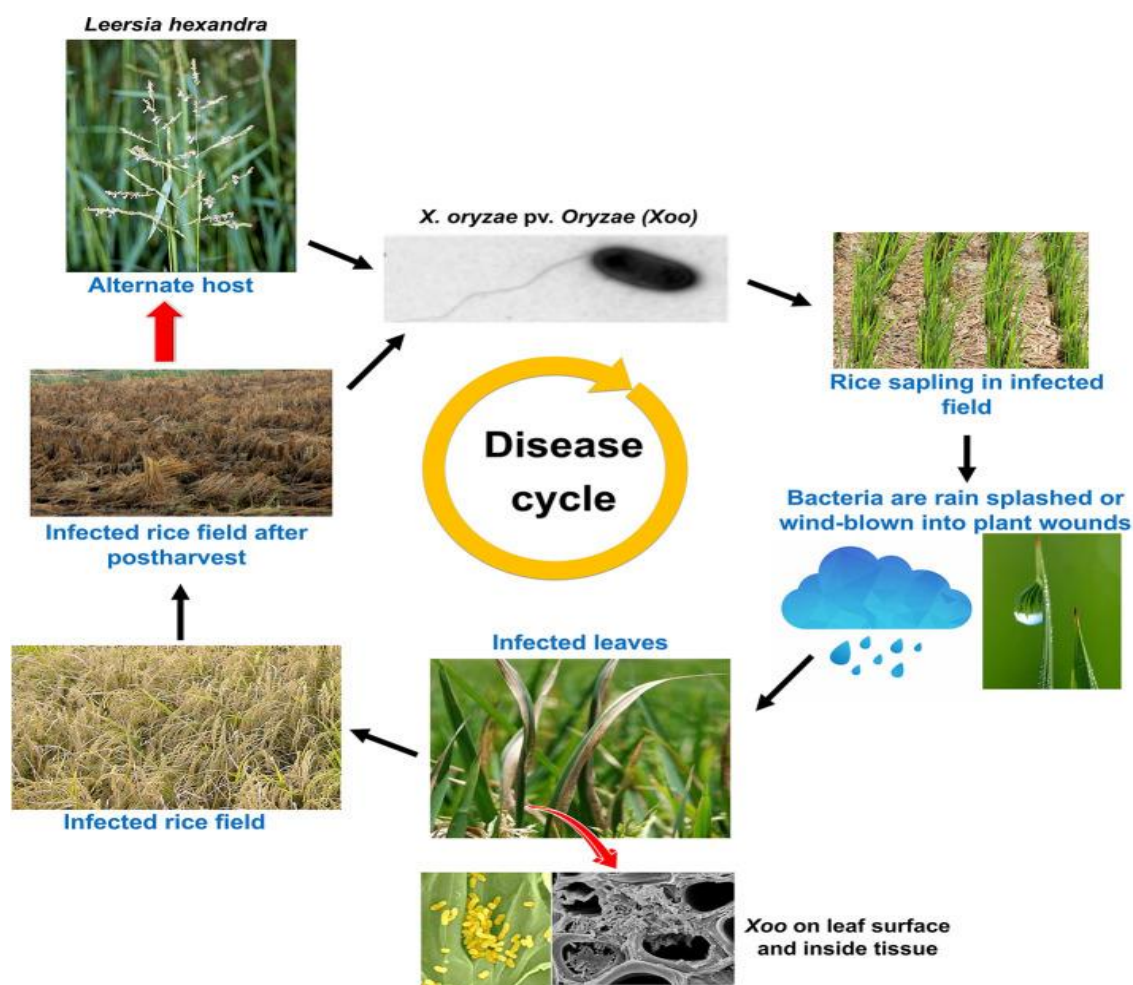


Figure 4: Cycle de vie de la maladie (brulure bactérienne et strie foliaire du riz)

Figure 4 : cycle de vie de la maladie (brulure bactérienne et strie foliaire du riz).

3.2.1.5 Organisations génomique des *Xanthomonas oryzae*

Xanthomonas oryzae oryzae le génome de cette bactérie a été séquencé en 2005 par une équipe japonaise. Ce génome, constitué d'un seul chromosome circulaire à une taille de 4940217 Pb. Sa structure se caractérise par un grand nombre de gènes effecteurs. Cette bactérie est considérée comme un organisme modèle pour l'analyse de l'interaction plante pathogène car on en connaît plus de 30 races différentes par leur virulence et que 25gènes de résistance ont été identifiés chez le riz dont le génome a également été séquencé(Hirokazu et al. 2005).

Xanthomonas oryzae oryzae en 2005 a été isolé nommé GX01 provenant d'une rizière infectée par le BLS à Hezhou à la jonction des provinces du Guangdong et du Guangxi (xia et al.2011) Contrairement à *X. oryzae oryzae* précédemment caractérisé ; GX01 porte un plasmide pXOCg01 (Nui et al .2015).

L'assemblage final GX01 se compose d'un chromosome de 4811977pb et d'un plasmide de 53205. Le génome de GX01 (chromosome et plasmide) a été annoté par le pipeline d'annotation du génome procaryote du national center for Biotechnology information (Tatusova et al .2016).

3.2.2 Les moyens de préventions et de lutte contre les propagations des *Xanthomonas oryzae*

3.2.2.1 La Lutte :

Xanthomonas Oryzae Oryzae les mesures de contrôle de la brûlure bactérienne comprennent les pratiques culturales, les produits chimiques, la lutte biologique la prévision des maladies et surtout la résistance génétique de l'hôte.L'incidence de la maladie est diminuée par une gestion attentive des cultures(Padmanabhan 1983), et par l'utilisation de cultivars résistants et par le traitement des semences(Singh, et Monga 1985). Il a été proposé aussi d'immerger les plantules de riz dans un antibiotique au moment de la transplantation(Durgapal 1983). Des bactéricides systémiques sont en développement (Takahi 1985). La bactérisation des semences avec des *Pseudomonas* fluorescentes a été essayée comme une méthode de lutte biologique (Anuratha et Gnanamanickam 1987). Depuis que la sévérité de la maladie s'est accrue dans les années 1970 et 1980, la résistance variétale est devenue un sujet important et il existe une littérature abondante sur la sélection et la recherche de résistances à ce pathogène. L'existence de nombreuses races (voir Biologie) rend importante l'obtention d'une résistance stable(Nayak et Chakrabarti 1986) ou de plante adulte (Qi et Mew 1985).

Xanthomonas oryzae oryzae Ce pathogène n'exige aucune mesure de lutte particulière sauf l'utilisation de semences saines. Il n'y a aucune information sur traitements ou résistances dans la littérature(Qi et Mew 1985)..

3.2.2.13.2.2.2 Mesures phytosanitaires:

L'OEPP propose que les pays peuvent interdire l'importation de semences de riz originaires de pays infestés(OEPP/EPPO 1990) Elle recommande, sinon, que ces semences doivent provenir d'une culture porte-graines inspectée pendant la période de végétation, et les semences elles-mêmes doivent être testées avant et après l'importation vis-à-vis des deux pathogènes. Une méthode OEPP de quarantaine pour les semences de riz est en préparation (OEPP/EPPO 1990).

3.2.3 Détermination des pathovars de *X. oryzae* par la technique de PCR

Un système de génomique informatique a été utilisé pour comparer les génomes séquencés de *Xanthomonas* spp et d'identifier rapidement des régions uniques pour le développement de marques de diagnostic hautement spécifiques. Une série d'amorces de diagnostic a été sélectionnée pour surveiller divers loci et distinguer les différents types de maladies : la brûlure bactérienne et les pathogènes bactériens des stries des feuilles, *Xanthomonas Oryzae pv. Oryzae*

et *X. Oryzae pv. Oryzicola*, respectivement. Un sous-ensemble de ces amorces a été combiné en une multiplexe de réaction en chaîne par polymérisation qui a permis de distinguer avec précision les deux agents pathogènes du riz lors d'une enquête sur une collection géographiquement diversifiée de *X. Oryzae pv. Oryzae*, *X. Oryzae pv. Oryzicola*, autres *Xanthomonas* et plusieurs genres de bactéries phytopathogènes et associées aux plantes ou aux graines. Cette approche informatique pour l'identification de locus uniques grâce à des comparaisons du génome entier est un outil puissant qui peut être appliqué à d'autres phytopathogènes pour accélérer le développement des diagnostics à partir des amorces (Lang et al. 2010).

3.2.4 L'utilisation de la technique VNTR (nombre variable de répétition en tandem)

L'application de la technologie de réaction en chaîne par polymérase (PCR) aux diagnostics moléculaires est très prometteuse pour l'identification précoce d'agents phytopathogènes importants pour l'agriculture (Srinivasa, Sharanaiah, et Shivamallu 2012). Les milieux sélectifs et la sérologie sont les méthodes couramment utilisées pour la détection des phytopathogènes dans le matériel végétal infecté (Srinivasa, Sharanaiah, et Shivamallu 2012).

La séquence d'ARNr 16S, qui est hautement conservée à travers l'arbre phylogénétique, se trouve dans tous les organismes procaryotes et est l'une des séquences cibles les plus étudiées (Srinivasa, Sharanaiah, et Shivamallu 2012). L'identification microbienne rapide et précise est un élément essentiel de tout programme d'inspection et d'enquête sur les agents pathogènes (Gutell, Larsen, et Woese 1994) L'isolement d'agents pathogènes à partir de plantes ou de graines malades, suivi d'un examen morphologique, d'une caractérisation biochimique/physiologique, d'une réponse hypersensible et de la pathogénicité sont les méthodes de routine pour la détection et l'identification des bactéries phytopathogènes (Vanneste JL 2000). Les méthodes classiques pour distinguer ces agents pathogènes sont basées sur des caractéristiques morphologiques et de croissance (Timbres DJ et DJ Newhook FJ, s. d.) qui prennent du temps. Un éventail d'approches moléculaires a été poursuivi à la recherche de techniques alternatives pour une identification plus précise et rapide des pathogènes bactériens des plantes.

L'analyse de répétition en tandem à nombre variable (VNTR) est efficace pour le typage de routine et pour étudier les structures génétiques des populations microbiennes naturelles (Poulin et al. 2015).

L'analyse (PCR- VNTR) est une technique simple et puissante pour identifier les changements de séquence dans l'ADN amplifié (Poulin et al. 2015).

Dans les systèmes agricoles, les ravageurs sont idéalement contrôlés par des approches

intégrées, y compris l'éradication ou le traitement des organismes malades et la plantation de variétés résistantes (Poulin et al. 2015).

Cependant, la durabilité de la résistance peut être remise en question si la diversité de agents pathogènes est importante. Il est important de noter que le flux de gènes entre les populations d'agents pathogènes peut faciliter la dégradation de la résistance des plantes cultivées (BA et Linde 2002).

Par conséquent, des outils de typage moléculaire efficaces et précis pour identifier les souches et différencier les isolats bactériens apparentés sont essentiels pour la reconstruction microévolutive en tant qu'approche de génétique des populations pour la protection intégrée des plantes (Poulin et al. 2015). La technique PCR-VNTR est exploitée pour déterminer le nombre d'allèles des locus VNTRs, de faire une attribution des types MLVA et de déduire les relations phylogénétiques (Poulin et al. 2015).

Bien que les coûts du séquençage du génome aient considérablement diminué au cours des dernières années, de telles méthodes de typage ont peu de chances d'être largement adoptées en tant que norme en raison des contraintes bioinformatiques et infrastructurelles. La plupart des pays en développement concernés par la surveillance épidémiologique des maladies des plantes ne sont pas encore équipés pour de telles analyses. Signalés pour la première fois chez des espèces eucaryotes, des motifs d'ADN répétés en plusieurs copies ont été identifiés dans des génomes bactériens (Lindstedt 2005)

La variation entre les souches se traduit par une modification de la taille du réseau de répétitions, appelé répétitions en tandem à nombre variable (VNTR) ou mini- ou microsatellite. Parmi les différents modèles de mutations des microsatellites, le modèle de mutation par étapes (SMM) a été largement adopté pour les microsatellites, même si de grands sauts dans le nombre de répétitions peuvent parfois se produire (Ellegren 2004) ;(Vogler et al. 2006).

La taille d'un locus VNTR évolue par l'ajout ou la suppression d'une unité de répétition par événement de mutation. Par conséquent, les locus VNTR nous fournissent des données connectables reflétant des modèles de descendance évolutive qui peuvent être utilisées pour le traçage épidémiologique des souches bactériennes.

Les régions flanquantes à côté des répétitions sont généralement bien conservées, parfois même entre différentes espèces. Par conséquent, des amorces PCR pourraient être conçues per

mettant l'analyse des polymorphismes VNTR à différents niveaux par exemple, au niveau de l'espèce ou de la sous-espèce (van Belkum et al. 1998).

3.2.5 Technique de phénotypage des pathovars de *X. oryzae* dans la serre :

Ces tests sont réalisés sous la serre dans les conditions contrôlées selon le protocole décrite par Dardick et ces collaborateurs en 2003 (**Dardick et al. 2003**), dans un dispositif expérimentale ; les plantes de riz sont infectés par inoculum bactérienne et les paramètres de suivi après inoculation sont : la température, l'humidité, la longueur totale des feuilles et la longueur des lésions (**Dardick et al. 2003**).

METHODOLOGIE

4. Méthodologie

4.1 Cadre d'étude

Les bas-fonds de **Kita** et le périmètre irrigué de **Baguinéda** ont servi de cadre pour notre étude.

4.1.1 Kita :

Situé à 185km de Bamako, Nous avons choisi 3 villages qui ont tous au moins un bas-fond aménagé Madina Malinké à 60 km à l'ouest de Kita (20 ha), Banfara à 40 km au nord-est de Kita (20 ha de bas-fonds, 80 ha de plaines aménagées), Toufinko à 70km au sud de Kita (190 ha). A travers l'agence de développement rural de la vallée du fleuve Sénégal (ADRS).

Ces villages ont été sélectionnés avec le soutien de l'ADRS.

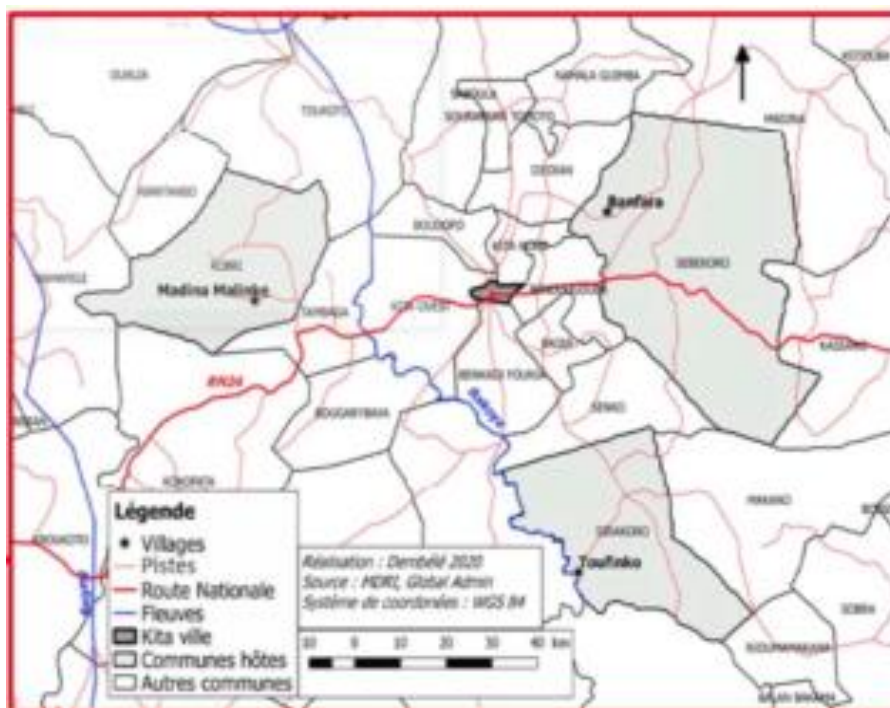


Figure 5: Carte des Bas-fonds rizicole dans la région de Kita

4.1.2 Baguinéda :

Situé à 25 km de Bamako; c'est une zone irriguée à partir du barrage de Sotuba, et le riz est cultivé sur 3828 hectares par l'Office du Périmètre Irrigué de Baguinéda (OPIB).

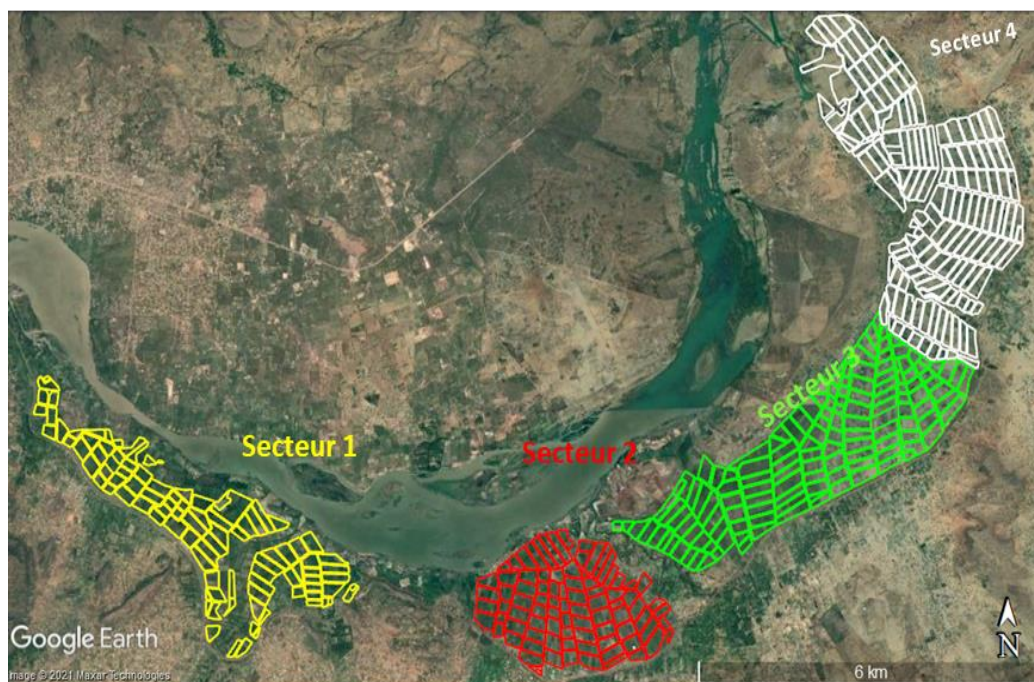


Figure 6: Carte du périmètre irrigué de Baguinéda

4.2 Type et période d'étude

Il s'agissait d'une étude prospective qui a porté sur l'identification et la caractérisation moléculaire des souches bactériennes de la famille des *Xanthomonadaceae* isolées à partir des feuilles de riz présentant les symptômes des bactérioses. Les échantillons ont été collectés de juin à octobre 2021 dans les zones rizières de Baguinéda et Kita. L'analyse des souches bactériennes s'est déroulée de janvier à octobre 2023 au laboratoire de biologie moléculaire appliquée (LBMA).

4.3 Population d'étude :

Notre étude a concerné les feuilles de riz présentant les symptômes du BLB et BLS pendant la période de notre étude.

4.4 Critère d'inclusion et non inclusion

4.4.1 Critère d'inclusion

Ont été inclus dans notre étude toutes les feuilles de riz ayant les symptômes du BLB et BLS.

4.4.2 Critère de non inclusion

N'ont pas été inclus dans notre étude toutes les feuilles de riz n'ayant pas les symptômes de BLB et BLS.

4.5 Echantillonnage

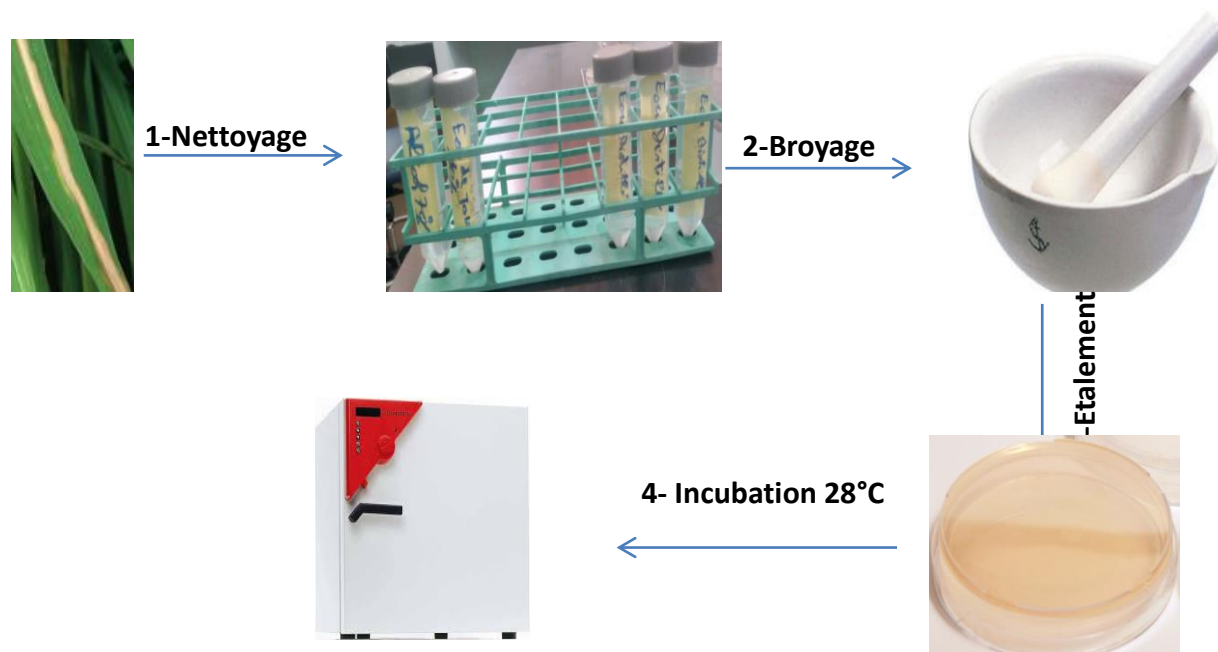
Nous avons réalisé un échantillonnage aléatoire de type raisonné. Notre échantillon a été composé de 20 feuilles de riz collecté à Kita et 31 feuilles de riz collecté à Baguinéda chez qui nous avons isolé des souches bactériennes de la famille des *Xanthomonadaceae*.

4.6 Collecte de donnée

Dans notre étude les échantillons ont été géo référencié à travers des cordonnées GPS à l'aide d'une tablette et des fiches de renseignement qui ont été rempli par l'équipe d'enquête pour enregistrer toutes les autres informations relatives aux échantillons et au lieu de collecte.

4.7 Isolement des *Xanthomonas*

Les feuilles de riz ont été nettoyés avec de l'éthanol 70% puis avec de l'eau de javel 10% avant d'être rincé avec de l'eau distillée stérile à 3 reprises. Ces échantillons ont été broyés dans des mortiers en porcelaine avec un 1 ml d'eau distillée stérile. 50 µl du broyat de chaque échantillon ont été étalés et ensemencés sur le milieu de culture PSA (**peptone- sucrose-acide glutamique**) avec deux antibiotiques (**Cefalexine ; Kasugamycine**) et un antifongique (**Actidione**). Les boites ont été incubées à 28°C pendant 5 jours au maximum (**Lang et al. 2010**).



Les souches qui avaient des caractéristiques des *Xanthomonas* ont été sélectionnées et purifiées sur milieu de culture PSA sans antibiotique et incubées dans la même condition.

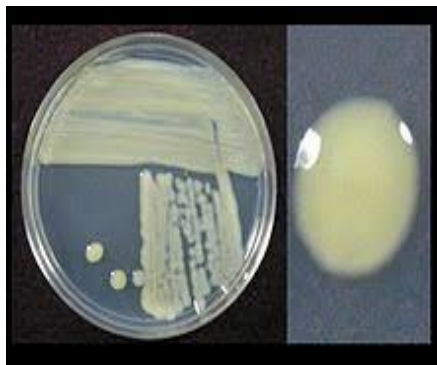


Figure 7: image de souche de *Xanthomonas oryzae* isolée

4.8 Identifications et caractérisations des souches de *Xanthomonas*

4.8.1 Extraction d'ADN

L'ADN a été extrait selon le protocole (Quanta bio Extracta DNA for PCR).



Figure 8: image du kit d'extraction Quanta bio

Les bactéries ont été prélevées à l'aide d'une anse puis ont été mélangés dans des tubes de 1.5ml contenant 75 μ l du buffer d'extraction. Ces mélanges ont été ensuite incubé au bain marie à 95°C pendant 30min. Après un refroidissement de quelques minutes ; 75 μ l du buffer de stabilisation a été ajouter dans chaque tube. Les tubes ont été centrifugé à 12000 rpm pendant 5min. les surnageant ont été transférés dans des nouveaux tubes et utiliser comme matrice.

La qualité et la quantité de l'ADN ont été évaluées par la spectrophotométrie.



Figure 9: image d'un spectrophomètre Eppendorf

4.8.2 PCR Multiplexe

La PCR multiplex est une technique de PCR permettant d'amplifier plusieurs cibles en une seule réaction (Lang et al. 2010).

Tableau 1: Liste des amorces utilisées avec la PCR multiplexe

Amorces	Séquences	Taille (pb)
Xo3756F	CATCGTTAGGACTGCCAGAAG	331
Xo3756R	GTGAGAACCACCGCCATCT	
Xoo80F	GCCGCTAGGAATGAGCAAT	162
Xoo80R	GCGTCCTCGTCTAAGCGATA	
Xoc3866F	ATCTCCAGCATGTTGATCG	691
Xoc3866R	GCGTTCAATCTCCTCCATGT	
Univ-1528F	GAGTTTGATCCTGGCTCAG	1500
Univ-1528R	AAGGAGGTGATCCAGCC	

Nous avons utilisé 4 types d'amorces qui sont :

L'amorce commune au *Xanthomonas Oryzae* dont la taille attendue fait 331pb,

L'amorce spécifique des *Xanthomonas Oryzae Oryzae* dont la taille attendue est à 162pb,

L'amorce spécifique des *Xanthomonas Oryzae Oryzicola* dont la taille attendue est à 691pb et

L'amorce universelle des bactéries 16S ribosome avec comme taille attendue 1500pb.

La composition du mix réactionnel est détaillée dans le tableau 2 et la PCR a été réalisée dans un thermocycler de type **Eppendorf AG nexus gradient**.



Figure 10: Image d'un Thermocycler de type Eppendorf AG nexus gradient

Tableau 2: Composition du mix réactionnel de la PCR multiplexe

Réactifs	Concentration initiale	Concentration finale	Volume (μL)
H ₂ O	-	-	5.5
Master mix one Taq	2X	1X	12.5
Amorce Forward	10 μM	0.8 μM	2
Amorce reverse	10 μM	0.8 μM	2
ADN	-	-	5
TOTAL	-	-	25

L'amplification a été réalisée dans le thermocycler à une température de dénaturation initiale de 95°C pendant 5 minutes et 95°C durant 3 minutes pour la dénaturation secondaire. La température d'hybridation des amorces était à 60°C pendant 30 secondes puis d'une élongation de 2 minutes à 68°C suivi d'une phase de terminaison à 68°C pendant 3 minutes. Après amplification l'électrophorèse a été réalisée sur un gel d'agarose de 1% et migrer à 120 volts pendant 1 heure de temps. L'observation du gel a été effectuée avec une chambre à UV-Photomètre de type : UVP Gel Imaging System-DigiDoc-it 120/.



Figure 11: Image de l'UVP Gel Imaging System-DigiDoc-it 120

4.9 Comparaisons des profils génétiques selon les différents milieux

4.9.1 Analyses VNTR

VNTR (nombre variable de répétitions en tandem) est le typage moléculaire des populations d'agents pathogènes ou des pathovars (Poulin et al. 2015). Nous avons utilisé cette technique pour évaluer la diversité des souches des bactéries isolées de Baguinéda et de Kita.

Cette analyse a débuté avec l'extraction d'ADN des souches de *Xanthomonas Oryzae* isolées dans les deux sites d'études. L'amplification des loci VNTRs (PCR-VNTR) a été réalisée en utilisant 16 paires amorces spécifiques des régions microsatellites des *Xanthomonas Oryzae* suivant le protocole réalisé par Paulin et ces collaborateurs (Poulin et al. 2015). Les amorces sont classées en 4 groupes composés de 4 paires d'amorces chacune. Nous avons ainsi réalisé des PCR-VNTR quadruplex. Ces opérations ont été réalisées avec une thermocycler de type Eppendorf AG nexus gradient.

Tableau 3: Liste des amorces et leurs séquences pour la PCR-VNTR

Pool	Loci	Dye	Amorces sens	Amorces non- sens	Dye
1	Xo_G06	VIC NED PET	GCAGACGGATGGGCGTTG	GCTCGCCGGCACTCTCCT	6-FAM
	Xo_G07		CAGGGCGAACGCGATGAG	GCTCCATGGTGCCGGAGA	
	Xo_G58		CAACGAGGTGCCCGGCAA	GGAGCGCGCACATCATCG	
	Xo_G81	GTGCCGTCTCCCGACGCT	GCCATCGCTACGCTGCGG		
2	Xo_G2553	VIC PET	GCTGGCGGTGACCACCAC	GTCCAGCAGGTGCTCGCG	6-FAM
	Xo_G88		CTCACTGCGGCGGTGTTG	TAAGCTGCGCAAGGCGCG	
	Xo_G44		GCCGTGCTTCCGTCTGCA	CCGCATCCATCGCGACAG	
	Xo_G62	GCTTCGCCGACCACGTGA	ACGACAAGCAGCGCCTGC	NED	
3	Xo_G55	VIC PET	ACCCGGCAACTCGCAACC	GGCACGAGCAAGCGGCAT	6-FAM
	Xo_G59		TCATTGCGTCACCCATCGG	GGCGGGCGCTATCAACTGTCC	
	Xo_G60		GTTGCCGCCCGCGGTAC	CGGCGTCTTGCCAACCCT	
	Xo_G67	NED	GCTTGGCGGGTCACATCG	TGGATCGACGCCGACTG	
4	Xo_G09	PET NED	CCGCGATAGGCCGAGGTC	TGGCCTATCTGGCAGCGC	6-FAM VIC
	Xo_G15		CGCAACGATGTGCTGGCG	CGCAATCGCTTCGAACGC	
	Xo_G80		ACGGATGGCGTTGGCCAG	CGGCATGATCCTGGGCG	
	Xo_G83		CACCCGGCCGGCAATATC	TGCACCACCACGTTGGCG	

Diversité génétique des *Xanthomonas oryzae* du riz dans le bas-fond et en zone irriguée

Après amplification l'électrophorèse a été réalisée sur un gel d'agarose de 2,5% et migré à 120 volts pendant 1 heure de temps. L'observation du gel a été effectuée dans une chambre à UV-Photomètre de type : **UVP Gel Imaging System-DigiDoc-it 120**.

La taille des bandes observées a été calculée par rapport au marqueur de taille moléculaire avec le logiciel **lunch doc**. La diversité des souches ont été déterminés en fonction de la taille obtenue avec les différents marqueurs utilisés pour la PCR-VNTR.

RESULTATS

5. Résultats

5.1 Isolements des bactéries

Des souches de *xanthomonas oryzae* ont été morphologiquement identifiées et isolées sur milieu de culture PSA. Au total ; nous avons pu isoler 60 souches repartis comme suite : 44 à Baguinéda et 16 à Kita. Ces données sont résumées dans le tableau 4:

Tableau 4: répartitions de la Population d'études en fonction des localités

Localités	Nombre d'échantillons	Nombre de souches isolées
Baguinéda	31	44
Kita	20	16
Total	51	60

5.2 Identification et caractérisation des souches:

Les données de la PCR multiplexe ont révélé que toutes les souches de bactéries isolées sont des bactéries du genre *Xanthomonas Oryzae Oryzicola*. Ces données montrent la présence de XOC dans les 2 écosystèmes de riziculture. Ci-dessous les résultats de la PCR multiplexe en fonction de la zone d'étude.

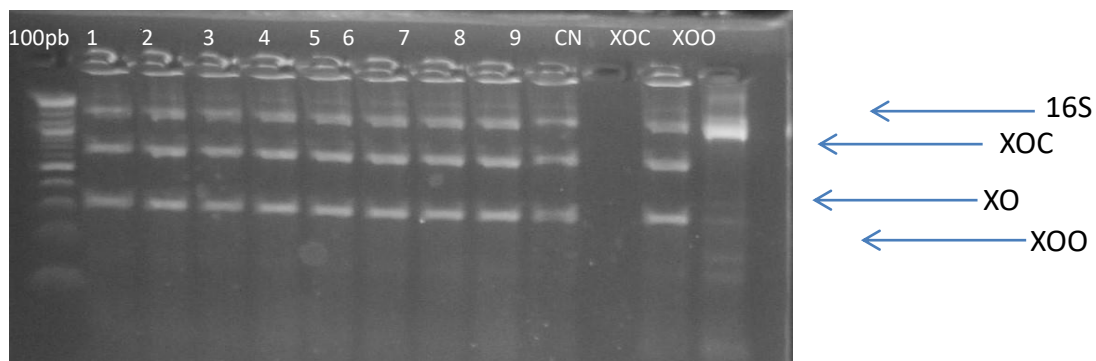


Figure 12: Image du gel de la PCR multiplex après électrophorèse (les souches de Kita).

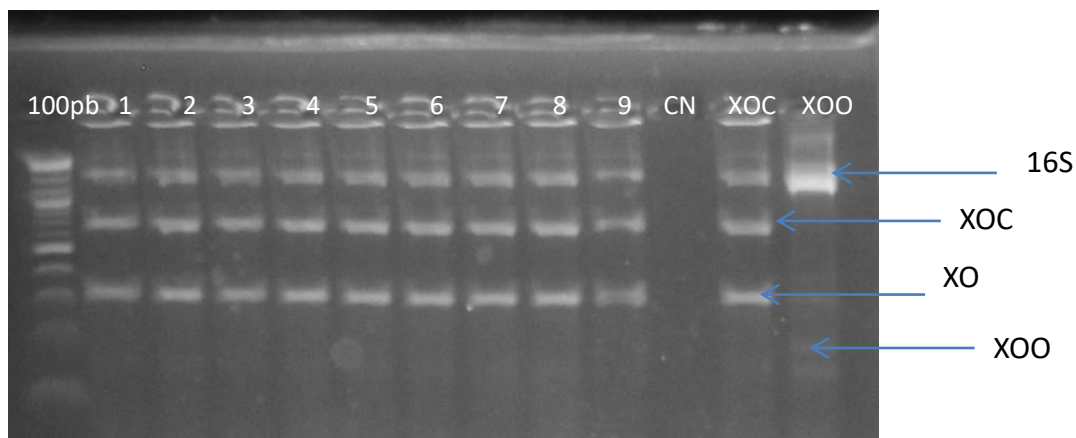


Figure 13: Image du gel de la PCR multiplex après électrophorèse (les souches de Baguinéda).

NB : 100pb= marqueur de taille moléculaire 100 paire de base ;

CN= contrôle négatif ;


XOC ; XOO= contrôle positif ;


1 à 9 = échantillons testés.

5.3 Comparaison des profils génétique

Tableau 2: résultats de la PCR-VNTR en fonction des localités et des amorces

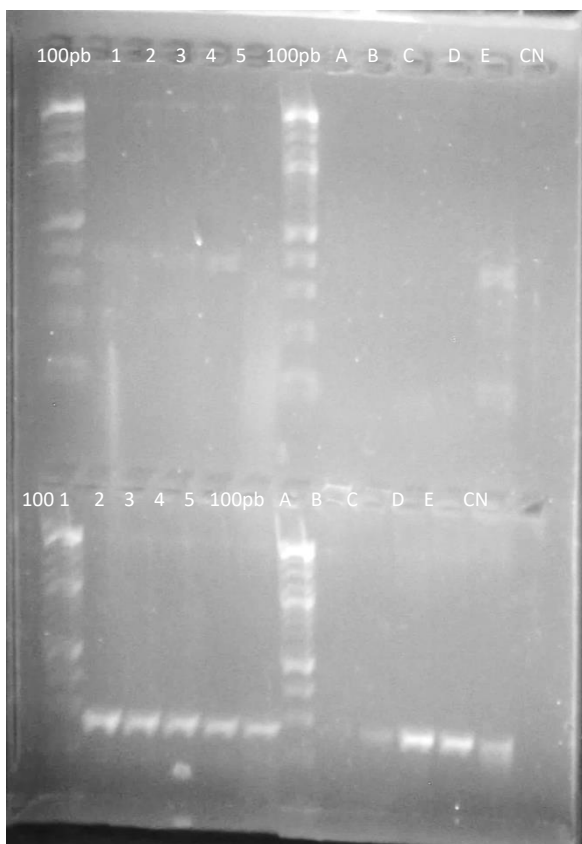
Bagunéda	Kita
G81	G81
G88	G88
G06	G06
G58	G58
G44	G44
G55	G55
G83	G83
G59	G59
G15	G15
G07	G07
G80	G80
G60	G60
G09	G09
G2553	G2553
G67	G67
G62	G62

 Non amplifiée

 Amplifiée

Ce tableau montre que les souches bactériennes de Baguinéda ont pu être amplifiées avec 13 amorces représentés en fonds bleu et n'ont pas pu être amplifiées avec 3 amorces représentés en fonds rouge et que par contre les souches bactériennes de Kita ont pu être amplifiées avec 10 amorces représentés en fonds bleu aussi et n'ont pas pu être amplifiées avec 6 amorces qui sont représentés en fonds rouge.

Nous avons sélectionnés les 8 couples d'amorces qui ont pu être amplifiées avec les souches de Kita et Baguinéda pour faire une comparaison dont l'image des gels et les différentes tailles sont représentées ci-dessous.

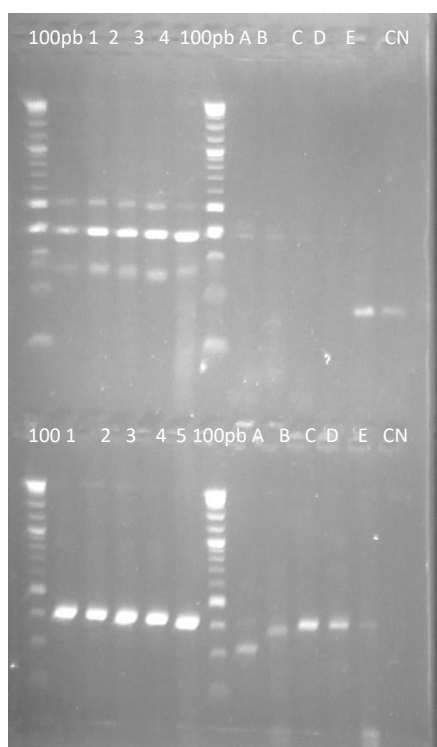


Baguinéda					Kita				
408	406	402	398	-	-	-	-	-	417
Baguinéda					Kita				
290	288	286	288	287	-	270	269	264	260

Image 3: Résultats de la PCR-VNTR avec les amorces G-88 et G-44

Après avoir calculé la taille des bandes obtenues avec l'amorce G-88 nous avons à Baguinéda des tailles qui varient de 398pb à 408pb et on a eu qu'une seule bande à Kita dont la taille est autour de 417pb, par contre avec l'amorce G-44 la taille des souches bactériennes de Baguinéda varient de 286pb à 290pb et celles de Kita varient de 260pb à 270pb.

Donc nous pouvons dire qu'il y'a une différence de tailles entre les souches bactériennes de Kita et Baguinéda au niveau du locus G-44.



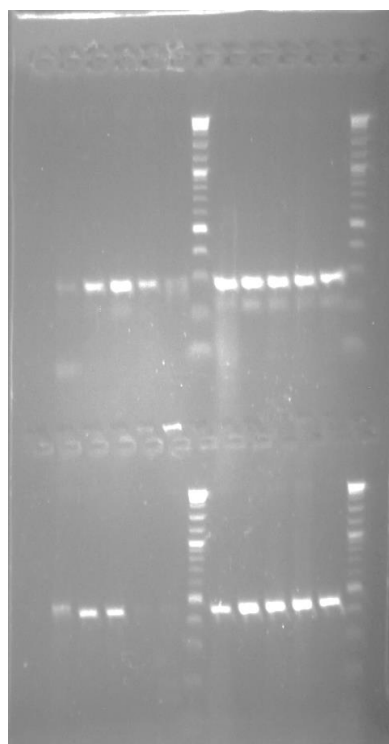
Baguinéda (pb)					Kita (pb)'				
1	2	3	4	5	A	B	C	D	E
409	408	408	405	407	411	411	-	133	134

Baguinéda (pb)					Kita (pb)				
1	2	3	4	5	A	B	C	D	E
403	403	400	405	399	305	386	405	405	405

Image 4: Résultats de la PCR-VNTR avec les amorces G-2553 et G-55

Après avoir calculé la taille des bandes obtenues avec l'amorce G-2553 nous avons à Baguinéda des tailles qui varient de 405pb à 409pb et à Kita des tailles qui varient de 133pb à 411pb là il y'a une différence de tailles entre certaines souches bactériennes de Kita, mais avec l'amorce G-55 les tailles obtenues varient de 399pb à 405pb à Baguinéda et de 305pb à 405pb à Kita.

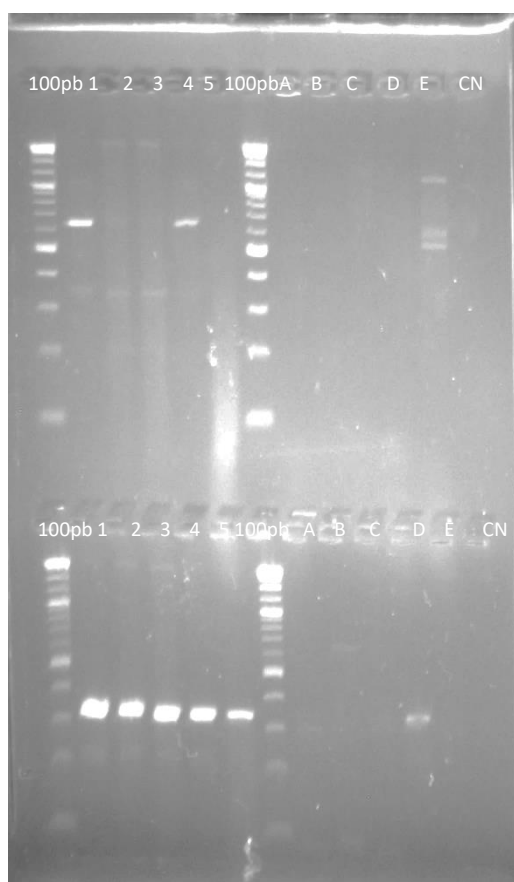
Donc nous pouvons dire qu'il y'a une différence de tailles entre les souches bactériennes de Kita et Baguinéda niveau de l'amorce G-55 aussi.



Baguinéda(pb)					kita(pb)				
295	294	294	295	293	293	290	289	290	289
Baguinéda (pb)					kita(pb)				
450	451	452	458	455	-	-	464	462	471

Image 5: Résultats de la PCR-VNTR avec les amorces G-06 et G-07

Avec l'amorce G-06 et l'amorce G-07 il n'y'a pas de différence de tailles entre les souches bactériennes de Baguinéda et Kita.



Baguinéda (pb)					kita(pb)				
650	-	-	668	-	-	-	-	-	-
Baguinéda (pb)					kita(pb)				
330	334	329	331	333	-	-	-	379	

Image 3: Résultats de la PCR-VNTR avec les amorces G-80 et G-67

Après avoir calculé la taille des bandes obtenues avec l’amorce G-80 nous avons eu à Baguinéda des tailles qui varient de 650pb à 668pb et les souches bactériennes de Kita n’ont pas pu être amplifiées avec l’amorce G-80 et avec l’amorce G-67 les tailles des bandes obtenues sont de 330pb à 333pb à Baguinéda et de 379 pb à Kita.

**COMMENTAIRE ET
DISCUSSION**

6. Commentaire et discussion

Cette étude nous a permis d'évaluer la diversité génétique des souches de *Xanthomonas oryzae* dans les deux types de système rizicole. Nous avons utilisé la méthode de PCR multiplex pour l'identification et la caractérisation des souches de *Xanthomonas oryzae*. Cette technique est beaucoup plus efficace et simple. Elle a déjà été utilisée par plusieurs autres chercheurs pour des études similaires réalisées dans d'autres pays (Wonni et al. 2014) ; (Jm et al. 2010).

L'ensemble des soixantes (60) souches isolées sont toutes des bactéries du genre *Xanthomonas oryzae oryzicola* (XOC). 44 souches (73,33%) ont été isolées à Baguinéda (Système irrigué) et 16 souches (26,67%) à Kita (Bas-fonds). Nous avons puis isolée presque 3 fois plus de souches de bactérie à Baguinéda qu'à Kita Cela confirme que la maladie est plus élevée en riziculture irriguée que dans les bas-fonds. Ce résultat concorde avec plusieurs autres études réalisées dans autres pays confirmant la prédominance de la bactériose dans les zones de système de riziculture irrigué que dans les bas fond (Zougrana et al. 2021) ; (Diallo 2021). Cette prédominance est probablement due, aux pratiques agricoles, à la culture intensive du riz sur les milieux irriguées, avec l'utilisation des variétés améliorées et des engrais minéraux azotés dans cette écologie (Huber et Thompson 2007).

En outre, avec la double ou triple culture en écologie irriguée au cours d'une même année, l'agent pathogène peut survivre dans les semences, les débris végétaux, les adventices, les repousses ; et par la suite être transmis au riz cultivé (Ou 1985) ; (T. Mew et al. 1993a) ; (Zougrana et al. 2021).

Nous avons utilisé la méthode d'analyse VNTR pour effectuer une comparaison génétique entre les souches bactériennes des deux écosystèmes.

Cette méthode est un outil de typage pour étudier la structure de la population de nombreux agents Pathogènes des vivants. Elle est hautement discriminatoire, robuste et rapide à être réalisé. Bien que la première étude VNTR d'un phytopathogène bactérien, *X. fastidiosa*, remonte à 2001

(Aguilar2001),le VNTR n'a pas encore reçu beaucoup d'attention dans le domaine de la phytopathologie bactérienne, probablement en raison de l'accès limité aux (multiples).

séquences du génome. Ce n'est que récemment que les analyses VNTR ont été utilisées pour caractériser d'autres agents pathogènes des plantes (Zhao et al. 2012) ; (Poulin et al. 2015). Le VNTR était une méthode rapide, efficace, précise et pratique pour la classification des souches de bactéries. L'utilisation de la diversité des sites VNTR pour la classification des races Xoc est une technique rapide et efficace, qui peut refléter le niveau de génotype des souches du

fletrissements des feuilles, la relation entre la phylogénie et la classification des races (LiHong et al. 2014).

Nous avons utilisées 16 paires d'amorces spécifiques ciblant des régions de microsatellite au niveau du génome des *Xanthomonas*. Ces même paires d'amorce ont été utilisés par d'autres auteurs pour effectuer des discriminations génétiques entre les souches de *Xanthomonas oryzae* (Poulin et al. 2015). Les amorces G-55 et G-44 nous ont permis de trouver une différence de taille entre les souches bactérienne de Kita et de Baguinéda. Par contre avec l'amorce G-2553 il n'y avait qu'une différence de tailles entre certaines souches de la région de Kita.

À l'échelle mondiale, le schéma MLVA-16 a confirmé la différenciation de la lignée décrite dans les études de typage et phylogénétiques précédentes. Cependant, à plus petite échelle, le schéma MLVA-16 s'est avéré plus discriminatoire que d'autres outils de typage moléculaire précédemment utilisés. Le schéma MLVA-16 pourrait discriminer les souches de la même région et même les souches provenant du même champ (Poulin et al. 2015). Ces données collaborent avec les résultats obtenus sur les souches de Kita avec l'amorce G-2553. MLVA-16 identifie directement le pathogène responsable d'une maladie ; c'est-à-dire BLB ou BLS.

Etant donné que les symptômes du BLB et BLS peuvent être semblables sur le terrain à des stades très précoces et tardifs de la maladie.

Ainsi qu'en cas de double infection, ces informations sont importantes pour une gestion efficace de la maladie. Dans le contexte des connaissances préalables sur les agents pathogènes XOO et XOC prévalent dans une certaine zone géographique, La capacité de faire la distinction entre les deux pathovars aide au déploiement de cultivars de riz résistants aux maladies et/ou à l'application d'agents antibactériens spécifiques. De plus, la capacité de faire la distinction entre BLS et BLB pourrait être utile à des fins de quarantaine, en particulier

avec l'augmentation du commerce des semences de riz entre les pays (Poulin et al. 2015).

Pour le suivi de la prévalence de *Xanthomonas oryzae pv. oryzicola* et l'identification de la structure de leur groupe régional, cette étude nous a permis de comparer le nombre variable de répétitions en tandem pour la classification et la différenciation des races de *Xanthomonas oryzae* isolées dans les bas-fonds de Kita et le périmètre irrigué de Baguinéda. L'étude de 16 loci VNTR nous a permis d'évaluer 60 souches de bactéries du genre *Xanthomonas oryzae pv. Oryzicola*. Ces sites VNTR sont diversifiés pour l'analyse de différents souches de *Xanthomonas* provenant de plusieurs régions (LiHong et al. 2014).

Nos résultats montrent que le schéma MLVA-16 est très utile pour la surveillance épidémiologique locale à d'échelle régionale ou nationale pour

Les

deux lignées de *X. Oryzae*. Tout d'abord, *X. Oryzae pv. oryzicola* prélevées dans la région de Kita et le périmètre irrigué de Baguinéda à la même période (juin à octobre 2021) ont montré des haplotypes relativement différents. Néanmoins, nos résultats confirment l'utilité des 16 marqueurs VNTR pour étudier les modèles démographiques ou épidémiologiques. Nos résultats étaient similaires à ceux rapportés par Poulin et ses collaborateurs qui ont pu démontrer des différences génétiques entre des souches de *Xanthomonas oryzae* collectés dans plusieurs régions et continents (**Poulin et al. 2015**).

Nous avons démontré la présence des *X. Oryzae pv. oryzicola* dans les 2 types de systèmes rizicole. Cette maladie est une menace pour la production rizicole et l'assurance de l'autosuffisance alimentaire. L'une des meilleures stratégies de lutte efficace, rentable et respectueuse de l'environnement contre la bactériose reste aujourd'hui le déploiement de variétés de culture résistantes (Ji et al. 2014).

**CONCLUSION ET
RECOMMADATIONS**

7. Conclusion et recommandations

7.1 Conclusion:

Notre étude a concerné l'évaluation de la diversité génétique des *Xanthomonas oryzae* dans le périmètre irrigué de Baguinéda et les bas-fonds de Kita. Cette étude nous a donné un aperçu de la prédominance des *Xanthomonas oryzae* dans les rizières de Kita et Baguinéda durant la période de collecte de juin à octobre 2021. Il ressort que *Xanthomonas oryzae oryzicola* étaient la souche de *Xanthomonas* majoritairement présente. L'analyse avec la méthode VNTR a montré une différence génétique entre les souches isolées de Baguinéda et celles de Kita. L'étude de la diversité des *Xanthomonas oryzae* au cours de notre période d'étude a montré une différence génétique avec l'amorce G-44 et l'amorce G-55 entre les souches bactériennes du périmètre irriguée de Baguinéda vis-à-vis des souches bactériennes de la région de Kita. Il existe une différence génétique entre certaines souches bactériennes de la région de Kita avec l'amorce G-2553. Certes nous avons isolé des souches de *Xanthomonas oryzae oryzicola* dans les deux systèmes de rizicultures, mais il existe une différence génétique entre ces bactéries. Cette différence est probablement due à l'écologie du milieu de culture.

7.2 Recommandations:

Au terme de cette étude nous formulons les recommandations suivantes au :

Ministère de l'Agriculture

Lancer des campagnes de sensibilisations et de formations auprès des paysans concernant la transmission et les moyens de lutte efficace contre ces maladies. Ces mesures permettront ainsi l'augmentation de la production du riz et facilitera ainsi l'autosuffisance alimentaire en ce qui concerne la consommation du riz.

Ministère de l'enseignement supérieur et de la recherche scientifique

Mettre en place des moyens nécessaires (financière) pour les chercheurs afin de pouvoir continuer à développer des sujets de recherche correspondants au besoin crucial de la population. L'accompagnement nécessaire de la recherche est l'un des meilleurs moyens de développement d'un pays.

Laboratoire de biologie moléculaire appliquée (LBMA):

Nous inciterons ce centre de recherche à :

- Accentuer encore plus d'effort sur des sujets de recherche de ce genre;
- Améliorer les systèmes de collecte des informations sur le terrain ;
- Créer une base de données phytopathologique nationale concernant ces pathovars et
- Une bonne compréhension de la structure moléculaire de base de ces pathogènes.

**REFERENCES
BIBLIOGRAPHIQUES**

8. Références bibliographiques

- Aguilar, Vildoso. 2001. « Différenciation des souches de *Xylella fastidiosa* par un nombre variable d'analyses répétées en tandem. Appl. Environ. »
- Anuratha, C.S, et S.S Gnanamanickam. 1987. « *Pseudomonas fluorescens* supprime le développement de symptômes de brûlure bactérienne. International Rice Research Newsletter 12, 1, 17. »
- Awoderu, VA, N Bangura, et VT John. 1991. « Incidence, distribution et la gravité des maladies bactériennes sur le riz en Afrique de l'ouest ». BA, McDonald, et C Linde. 2002. « Génétique des populations pathogènes, potentiel évolutif et résistance durable. Annual Review of Phytopathology 40:349-379. <http://dx.doi.org/10.1146/annurev.phyto.40.120501.101443>. »
- Baris, P, J Zaslavsky, et S Perrin. 2005. « La filière riz au Mali : compétitivité et perspectives de marché, » Agence Fr. Dev., p. 63, ».
- Bezançon, Gilles. 2014. « Riziculture traditionnelle en Afrique de l'Ouest : valorisation et conservation des ressources génétiques ». *Journal d'agriculture traditionnelle et de botanique appliquée* 37 (2): 3-24. <https://doi.org/10.3406/jatba.1995.3575>.
- Bradbury, JF. 1984. « Genre II. Manuel de Bactériologie systématique ».
- Cai, Lulu, Wenxiu Ma, Lifang Zou, Xiameng Xu, Zhengyin Xu, Chaoying Deng, Wei Qian, Xiaobin Chen, et Gongyou Chen. 2022. « *Xanthomonas oryzae* Pv. *oryzicola* Response Regulator VemR Is Co-opted by the Sensor Kinase CheA for Phosphorylation of Multiple Pathogenicity-Related Targets ». *Frontiers in Microbiology* 13 (juin): 928551. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.928551>.
- Chen, Xian, Pedro Laborda, et Fengquan Liu. 2020. « Exogenous Melatonin Enhances Rice Plant Resistance Against *Xanthomonas oryzae* Pv. *Oryzae* ». *Plant Disease* 104 (6): 1701-8. <https://doi.org/10.1094/PDIS-11-19-2361-RE>.
- Chevalier, Auguste. 2013. « Sur les Riz africains du groupe *Oryza glaberrima*. » *Revue de botanique appliquée et d'agriculture coloniale* 17 (190): 413-18. <https://doi.org/10.3406/jatba.1937.5752>.
- . 2018. « Nouvelle Contribution à l'étude systématique des *Oryza*. », 1014-32.
- Coulibaly, Yacouba M. 2014. « étude sur la chaîne de valeur riz au Mali ».
- Dardick, Chris, Francisco Silva, Yuwei Shen, et Pam Ronald. 2003. « Antagonistic Interactions Between Strains of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* ». *Phytopathology* 93 (juillet): 705-11. <https://doi.org/10.1094/PHYTO.2003.93.6.705>.
- Devadath, S, et A.P Dath. 1970. « Epidemiology of *Xanthomonas translucens* f.sp. *oryzae*. *Oryza* 7, 1316. Devadath ».
- Diallo, Amadou. 2021. « Structure génétique des populations de *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*, diversité du Talome et évaluation de la résistance de variétés élites de riz au Burkina Faso ».
- Durgapal, J.C. 1983. « Management of bacterial blight of rice by nursery treatment - preliminary evaluation. *Indian Phytopathology* 36, 146-149. »
- Ellegren, H. 2004. « Microsatellites : séquences simples à évolution complexe. *Nat Rev Genet* 5: 435-445. <http://dx.doi.org/10.1038/nrg1348> ».
- François-Xavier GILLET. 2011. « Régulation conformationnelle redox dépendante du suppresseur de silencing P1 du virus RYMV ». UNIVERSITE MONTPELLIER 2.
- Gilmour, MW, M Graham, A Reimer, et G Van Domselaar. 2013. « Génomique de la santé publique et nouvelle épidémiologie moléculaire des pathogènes bactériens. »

- Gossele, F, CMV Cruz, MFV Outryve, J Swings, et JD Ley. 1985. « Differentiation entre les bacteries causant la brulure bacterienne ;la strie bacterienne des feuilles et la tache brune bacterienne sur le riz . »
- Goto, M. 1992. « fondamentaux de la pathologie bactérienne des plantes ».
- Gutell, RR, N Larsen, et CR Woese. 1994. « Leçons d'un ARNr en évolution : les structures des ARNr 16S et 23S d'un point de vue comparatif. *Microbiol Rev*, 1994, 58 : 10 -26 Google Scholar ».
- Havard, Michel. 2016. « Evolution et perspectives de la transformation du riz à l ' Office du Niger au Mali . », n° February: 1-11.
- Hirokazu, Ochiai, Inoue Yasuhiro, Takeya Masaru, Sasaki Aeni, et Kaku Hisatoshi. 2005. « genome sequence of xanthomonas oryzae pv oryzae suggests contribution of large numbers of effector genes and insertion sequences to its race diversityJapan Agricultural Research Quartey(JARQ) ».
- Hsieh, S.P.Y, I.W Buddenhagen, et H.E Kauffman,. 1974. « An improved method for detecting the presence of *Xanthomonas oryzae* in rice seed. *Phytopathology* 64, 273-274. »
- Huber, DM, et IA Thompson. 2007. « Nitrogen and plant disease. In: L. E. Datnoff, W. H. Elmer, D. M. Huber (Eds.), *Mineral nutrition and plant disease*. APS Press, Saint Paul, MN, USA. », 2007.
- Ji, Zhi-Yuan, Muhammad Zakria, Li-Fang Zou, Li Xiong, Zheng Li, Guang-Hai Ji, et Gong-You Chen. 2014. « Genetic Diversity of Transcriptional Activator-Like Effector Genes in Chinese Isolates of *Xanthomonas Oryzae* Pv. *Oryzicola* ». *Phytopathology*® 104 (7): 672-82. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-08-13-0232-R>.
- Jm, Lang, Hamilton Jp, Diaz Mgq, Van Sluys Ma, Burgos Mrg, Vera Cruz Cm, Buell Cr, Tisserat Na, et Leach Je. 2010. « Genomics-Based Diagnostic Marker Development for *Xanthomonas Oryzae* Pv. *Oryzae* and *X. Oryzae* Pv. *Oryzicola* ». *Plant Disease* 94 (3). <https://doi.org/10.1094/PDIS-94-3-0311>.
- KABORE Emmanuel. 2015. « Role des petits ARNs et expression des principaux genes de la voie du silencing au cours de l'infection du virus de la panachure jaune du riz ». *Mémoire Présenté Par : KABORE EMMANUEL Pour l ' obtention du Master II de Biologie Moléculaire et de Génétique Moléculaire Appliquées de l ' Université de Ouagadougou*.
- KABORE, Emmanuel. 2015. « “Role des petits ARNs et expression des principaux genes de la voie du silencing au cours de l'infection du virus de la panachure jaune du riz,” Mémoire Présenté Par KABORE EMMANUEL Pour l ' obtention du Master II Biol. Moléculaire Génétique Moléculaire Appliquées ». l ' Univ. Ouagadougou,.
- Kauffman, H.E, et A.P.K Reddy. 1975. « Seed transmission studies of *Xanthomonas oryzae* in rice. *Phytopathology* 65, 663-666. »
- Khush, GS. 2005.
« Ce qu'il faudra pour nourrir 5,0 milliards de consommateurs de riz en 2030. *Plant e Mol. Biol.* 59, 1–6. doi : 978-3-319-45021-6_20/s11103-005-2159-5 Khush ».
- Koroleva, M. L., S. A. Blinova, A. A. Shvartsev, V. E. Kurochkin, et Ya I. Alekseev. 2022. « A. N'krumah, A. Elbehri, and B. Legret, “Le Riz Au Mali: Améliorer La Compétitivité et Les Politiques de Soutien à Un Développement Inclusive de La Filière Riz,” Reconstruire Le Potentiel Aliment. l'Afrique l'Ouest, A. Elbehri (Ed.), FAO/FIDA, Pp. 455–488, 2013. » *Vavilovskii Zhurnal Genetiki I Seleksii* 26 (6): 544-52. <https://doi.org/10.18699/VJGB-22-66>.
- Kumar, Anirudh, Rakesh Kumar, Debashree Sengupta, Subha Narayan Das, Manish K. Pandey, Abhishek Bohra, Naveen K. Sharma, et al. 2020.
.« . Gumma MK, Nelson A, Thenkabail PS, et al. Cartographie des zones rizicoles d'Asie du Sud à l'aide des données multitemporelles MODIS ». *Frontiers in Plant Science* 11 (août): 1152. <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.01152>.

- Lacharme, M. 2001. « “Mémento Technique de la riziculture « Fascicule 2 » Données morphologiques et cycle de la plante,” ».
- Lacharme, Marc. 2001. « Mémento Technique de la riziculture « Fascicule 2 » Données morphologiques et cycle de la plante », 22.
- Lang, Jillian M., John P. Hamilton, Maria Genaleen Q. Diaz, Marie Anne Van Sluys, Ma. Ruby G. Burgos, Casiana M. Vera Cruz, C. Robin Buell, Ned A. Tisserat, et Jan E. Leach. 2010. « Genomics-Based Diagnostic Marker Development for *Xanthomonas Oryzae* Pv. *Oryzae* and *X. Oryzae* Pv. *Oryzicola* ». *Plant Disease* 94 (3): 311-19. <https://doi.org/10.1094/PDIS-94-3-0311>.
- LiHong, Zhou, Yang Jun, Li Miao, et Ji GuangHai. 2014. « A study on the genetic diversity of rice leaf blight pathogen. » *Acta Agriculturae Universitatis Jiangxiensis* 36 (4): 750-59.
- Lin, Hui, Muyang Wang, Ying Chen, Kinya Nomura, Shugang Hui, Jinshan Gui, Xiawei Zhang, et al. 2022. « An MKP-MAPK Protein Phosphorylation Cascade Controls Vascular Immunity in Plants ». *Science Advances* 8 (10): eabg8723. <https://doi.org/10.1126/sciadv.abg8723>.
- Lindstedt, BA. 2005. « Analyse de répétitions en tandem à nombre variable de locus multiples pour l’empreinte génétique de bactéries pathogènes. Électrophorèse 26 : 2567-2582. <http://dx.doi.org/10.1002/elps.200500096> ».
- Lozano, Ivan, et Francisco Morales. 2009. « Molecular characterisation of Rice stripe necrosis virus as a new species of the genus Benyvirus ». *European Journal of Plant Pathology* 124 (4): 673-80. <https://doi.org/10.1007/s10658-009-9453-z>.
- Mew, T.W. 1987. « Current status and future prospects of research on bacterial blight of rice. *Annual Review of Phytopathology* 25, 359-382 ».
- Mew, TW, AM Alvarez, JE Leach, et J Swings. 1993a. « Focus on bacterial blight of rice. *Plant Dis. Rep* 77, 5-1 ».
- . 1993b. « Focus sur brûlure bactérienne du riz ».
- Murty, V.S.T, et S Devadath. 1982. « Survival of *Xanthomonas campestris* pv. *oryzae* in different soils. *Indian Phytopathology* 35, 32-38. »
- Murty, V.S.T, et S. Devadath. 1984. « Role of seed in survival and transmission of *Xanthomonas campestris* pv. *oryzae* causing bacterial blight of rice. *Phytopathologische Zeitschrift* 110, 15-19. »
- Nayak, P, et N.K Chakrabarti. 1986. « Stable resistance to bacterial blight disease in rice. *Annals of Applied Biology* 109, 179-186. »
- N’krumah, A, A Elbehri, et B Legret. 2013. « A. N’krumah, A. Elbehri, and B. Legret, “Le riz au Mali: améliorer la compétitivité et les politiques de soutien à un développement inclusive de la filière riz,” *Reconstruire le potentiel Aliment. l’Afrique l’Ouest*, A. Elbehri (ed.), FAO/FIDA, pp. 455–488, 2013. »
- OEPP/EPPO. 1990. « Exigences spécifiques de quarantaine. Document technique de l’OEPP n° 1008 ».
- Onasanya, A, A Basso, et E Somado. 2010. « Développement d’une technique combinée de diagnostic moléculaire et d’empreinte ADN pour les bactéries pathogènes du riz en Afrique. *Biotechnologie*. 9:89–105. », 2010.
- Ou, SH. 1985a. « Maladies du riz ».
- 1985b. « Rice Diseases. 2nd Ed. Commonwealth Mycological. Instt. Kew. England, 247-256. »
- Padmanabhan, S.Y. 1983. « Integrated control of bacterial blight of rice. *Oryza* 20, 188-194. »
- Portères, R. 2016a. « Taxonomie Agrobotanique des Riz cultivés *O. saliva* L. et *O.*, vol. 3. »
- . 2016b. « Taxonomie Agrobotanique des Riz cultivés *O. saliva* L. et *O.*, vol. 3. », 2016.
- Portères, Roland. 2016. *Taxonomie Agrobotanique des Riz cultivés O. saliva L. et O.* Vol. 3.

- Poulin, L., P. Grygiel, M. Magne, L. Gagnevin, L. M. Rodriguez-R, N. Forero Serna, S. Zhao, et al. 2015. « New Multilocus Variable-Number Tandem-Repeat Analysis Tool for Surveillance and Local Epidemiology of Bacterial Leaf Blight and Bacterial Leaf Streak of Rice Caused by *Xanthomonas oryzae* ». *Applied and Environmental Microbiology* 81 (2): 688-98. <https://doi.org/10.1128/AEM.02768-14>.
- PPAAO. 2022. « rang du mali dans la production du riz en afrique - Recherche Google ». 2022. <https://www.google.com/search?q=rang+du+mali+dans+la+production+du+riz+en+afrique&oq=rang+du+mali+dans+la+production+du+riz+&aqs=chrome.3.69i57j33i160l3.24836j0j7&sourceid=chrome&ie=UTF-8>.
- Qi, Z, et T.W Mew. 1985. « Adult-plant resistance of rice cultivars to bacterial blight. *Plant Disease* 69, 896-898. »
- Radanielina, Tendro. 2010. « Diversité génétique du riz (*Oryza sativa* L.) dans la région de Vakinankaratra, Madagascar. Structuration, distribution éco-géographique & gestion in situ ».
- Raj, K, et V Pal. 1988. « Overwintering of *Xanthomonas campestris* pv. *oryzae*. *International Rice Research Newsletter* 13, 22-23. »
- Rao, P.S. 1987. « Across-season survival of *Xanthomonas campestris* pv. *oryzicola*, causal agent of bacterial leaf streak. *International Rice Research Newsletter* 12, 2, 27. »
- Reddy, P.R. 1972. « Studies on bacteriophages of *Xanthomonas oryzae* and *Xanthomonas translucens* f.sp. *oryzicola*, the incitants of blight and streak diseases of rice. PhD thesis. Banaras Hindu University, Varanasi, Inde. » Banaras hindu.
- Roy, Alexis. 2010. « L'Initiative riz au Mali : une réponse politique à l'insécurité alimentaire ? » *Politique africaine* 119 (3): 87-105. <https://doi.org/10.3917/polaf.119.0087>.
- Séré et al. 2005. « Rice Bacterial Leaf Blight in West Africa: Preliminary studies on disease in Farmers Field and Screening released Varieties for Resistance to the bacteria. *Asian Journal of Plant Sciences* 4: 577-579. »
- SERGHAT, S, A MOURIA, A OUAZZANI TOUHAMI, A BADOUC, et A DOUIRA. 2004. « Effet de quelques fongicides sur le développement in vitro de *pyricularia grisea* et *helminthosporium oryzae* ». *Bulletin de la Société de pharmacie de Bordeaux* 143 (1): 7-18.
- Singh, D, F Vinther, et S.B Mathur. 1983. « Seed transmission of bacterial leaf blight in rice. *Seed Pathology News* No. 15, p. 11. »
- Singh, R.A, et D Monga. 1985. « New methods of seed treatment for eliminating *Xanthomonas campestris* pv. *oryzae* from infected rice seed. *Indian Phytopathology* 38, 629-631. »
- Singh, R.N. 1971. « Perpetuation of bacterial blight disease of paddy and preservation of its incitant. I. Survival of *Xanthomonas oryzae* in water. II. Survival of *Xanthomonas oryzae* in soil. *Indian Phytopathology* 24, 140-144, 153-154. »
- Srinivasa, C, U Sharanaiah, et C Shivamallu. 2012. « Molecular detection of plant pathogenic bacteria using polymerase chain reaction single-strand conformation polymorphism ». *Acta biochimica et biophysica Sinica* 44 (3). <https://doi.org/10.1093/abbs/gmr129>.
- Swings, al. 1990. « Reclassification of the causal agents of bacterial blight (*Xanthomonas campestris* pv. *oryzae*) and bacterial leaf streak (*Xanthomonas campestris* pv. *oryzicola*) of rice as pathovars of *Xanthomonas oryzae* (ex Ishiyama 1922) sp. nov., nom. rev. *International Journal of Systematic Bacteriology* 40, 309-311. »
- Sy, M Abdoul-aziz. 2014. « La panachure jaune du riz en Afrique: importance économique et stratégiques de gestion ».
- Takahi, Y. 1985. « Shirahagen R-S (tecloftalam). *Japan Pesticide Information* No. 46, pp. 25-30. »
- Tall, h. 2021. « Caractéristion de *xanthomonas oryzae* agent causal du fletrissement bacterienne ». Taylor, Publisher. 1997. « This article was downloaded by : [Wageningen UR Library] Access details : Access Details : [subscription number 907218346] Informa Ltd Registered in

- England and Wales Registered Number : 1072954 Registered office : Mortimer House ,
37- Journal of Sust ». *Management*, n° 907218346: 37-41.
<https://doi.org/10.1300/J064v11n02>.
- Timbres DJ, Waterhouse GM, et Hall GS DJ Newhook FJ. s. d. « Clé tabulaire révisée des espèces
de Phytophthora. Mycologie. Institut international CABI, Kew, Royaume-Uni 1990 162
164. Google Scholar ».
- van Belkum, A, H Verbrugh, L van Alphen, et S Scherer. 1998.
« courtséquencer les répétitions d'ADN dans les génomes procaryotes. *Microbiol Mo
l Biol Rev* 62:275–293. »
- Vanneste JL, Wallingford. 2000. « Royaume-Uni ; New York, États-Unis: Édition CABI. Feu
bactérien : la maladie et son agent causal, *Erwinia amylovora*: 370 -373 Google Scholar ».
- Vogler, AJ, RE Colman, C Keys, Y Nemoto, Z Jay, et P Keim. 2006.
« Effet du nombre de copies répétées sur les mutations répétées en tandem à nomb
re variable dans *Escherichia coli* O157: H7. *J Bacteriol* 188:4253–
4263. [http://dx.doi.org/10.1128/
JB.00001-06](http://dx.doi.org/10.1128/JB.00001-06) . 42. van Belkum A, Scherer S, van Alphen L, Verbrugh H. 1998 Cou
rt ».
- Wonni, I., B. Cottyn, L. Detemmerman, S. Dao, L. Ouedraogo, S. Sarra, C. Tekete, et al. 2014.
« Analysis of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzicola* Population in Mali and Burkina Faso
Reveals a High Level of Genetic and Pathogenic Diversity ». *Phytopathology*® 104 (5):
520-31. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-07-13-0213-R>.
- Woperies et al. 2008. « “Les principales maladies du riz,” in Curriculum APRA-GIR : Manuel
technique ».
- Xavier GILLET, François. 2011. « , “Regulation conformationnelle redox dependante du
suppresseur de silencing P1 du virus RYMV,” UNIVERSITE MONTPELLIER. »
- Zhao, Shuai, Lucie Poulin, Luis M. Rodriguez-R, Natalia Forero Serna, Shu-Yan Liu, Issa Wonni,
Boris Szurek, et al. 2012. « Development of a Variable Number of Tandem Repeats
Typing Scheme for the Bacterial Rice Pathogen *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzicola* ». *Phytopathology*® 102 (10): 948-56. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-04-12-0078-R>.
- Zougrana, Sylvain, Issa Wonni, Kadidia Koita, et Boris Szurek. 2021. « Étude Des Facteurs
Épidémiologiques de La Bactériose à Stries Foliaires Translucides Causée Par
Xanthomonas Oryzae Pv. *Oryzicola* Au Burkina Faso ». *Journal of Applied Biosciences*
168 (1): 17422-35.

ANNEXES

Fiche signalétique

Nom : SOUNKORO

Prénom : Haoussa

Téléphone : +223 97594897

Email : Sounkoroh@gmail.com

Titre de la thèse : Diversité génétique des *Xanthomonas oryzae* du riz dans le bas-fond et en zone irriguée

Nationalité : Malienne

Ville de soutenance: Bamako

Année universitaire : 2022-2023

Lieu de dépôt : Bibliothèque de la FMOS et FAPH

Secteur d'intérêt : Biotechnologie ; nutrition

Résumé :

Le flétrissement bactérien et la strie foliaire sont deux maladies dévastatrices du riz et causés respectivement par *Xanthomonas oryzae oryzae* (XOO) et *Xanthomonas oryzae oryzicola* (XOC). Nous avons effectué une étude prospective sur une période de 10 mois allant de janvier à octobre 2023. L'objectif de cette étude était d'évaluer la diversité génétique des *Xanthomonas oryzae* du riz dans le bas-fond de Kita et en zone irriguée de Baguinéda.

Une soixantaine de souches bactériennes a été isolée dans les différents types de système rizicole. L'ensemble de ces souches étaient du profil Xoc ; 44 souches de XOC (73,33%) ont été isolées avec les échantillons de Baguinéda et 16 souches (26,67%) avec ceux du bas fond de Kita. L'analyse MLVA-16 a révélé des différences génétiques entre les souches XOC isolées dans les 2 zones d'étude.

La prédominance des *Xanthomonas* étaient élevées dans la zone irriguée que dans le bas-fond. Les différences génétiques observées sont probablement dû à l'écologie de la culture. Notre étude a ainsi montrée l'impact du système écologique sur la diversité de ces pathogènes.

Mots clés : Riz ; *Xanthomonas oryzae* ; MLVA ; flétrissement et strie bactérienne.

Name: SOUNKORO

First name: Haoussa

Telephone: +223 97594897

Email: Sounkoroh@gmail.com

Thesis title: Genetic diversity of *Xanthomonas oryzae* of rice in the lowlands and in irrigated areas

Nationality: Malian

City of defense: Bamako

Academic year: 2022-2023

Place of deposit: FMOS and FAPH Library

Sector of interest: Biotechnology; nutrition

Summary:

Bacterial wilt and leaf streak are two devastating diseases of rice caused by *Xanthomonas oryzae oryzae* (XOO) and *Xanthomonas oryzae oryzicola* (XOC), respectively. We carried out a prospective study over a period of 10 months from January to October 2023. The objective of this study was to evaluate the genetic diversity of *Xanthomonas oryzae* of rice in the Kita lowland and in the irrigated area of Baguineda.

Around sixty bacterial strains were isolated in the different types of rice farming systems. All of these strains were of the XOC profile; 44 strains of XOC (73.33%) were isolated with the samples from Baguinéda and 16 strains (26.67%) with those from the Kita valley. MLVA-16 analysis revealed genetic differences between the XOC strains isolated in the 2 study areas.

The predominance of *Xanthomonas* was higher in the irrigated area than in the lowlands. The genetic differences observed are probably due to the ecology of the culture. Our study thus showed the impact of the ecological system on the diversity of these pathogens.

Keywords: Rice; *Xanthomonas oryzae*; MLVA; wilting and bacterial streak.

SERMENT DE GALIEN

En présence des Maîtres de la Faculté, des Conseillers de l'Ordre des Pharmaciens et de mes Condisciples ;

Je jure au Nom de l'Être Suprême :

D'honorer ceux qui m'ont instruit dans les préceptes de mon art et de leur témoigner ma reconnaissance en restant fidèle à leur enseignement ;

D'exercer, dans l'intérêt de la santé publique, ma profession avec conscience et de respecter non seulement la législation en vigueur, mais aussi les règles de l'honneur, de la probité et du désintéressement ;

De ne jamais oublier ma responsabilité et mes devoirs envers le malade et sa dignité humaine.

En aucun cas, je ne consentirai à utiliser mes connaissances et mon état pour corrompre les mœurs et favoriser des actes criminels.

Que les hommes m'accordent leur estime si je suis fidèle à mes promesses.

Que je sois couvert d'opprobre et méprisé de mes confrères si j'y manque.

Je le jure