INRAE

Faits marquants 2024 - Département BAP

Biologie et Amélioration des Plantes

Les faits marquant 2024

du département Biologie et Amélioration des Plantes

Ces faits marquants reprennent une sélection de publications importantes, de lancements de projets collaboratifs d'envergure, de signatures d'accords partenariaux, d'expertises, prospectives ou études, d'infrastructures nationales ou internationales, de colloques, de prix, de solutions opérationnelles, d'inaugurations de nouveaux bâtiments…

Ils sont classés selon les Grands Objectifs Scientifiques (GOS) du département.

Sommaire

Présentation du département

4 ➤ Les grands objectifs scientifiques et les champs thématiques du département

5 ➤ Les dispositifs : unités, CRB, plateformes

GOS 1 **Gérer, décrire et analyser la diversité génétique et épigénétique pour comprendre le fonctionnement et l'adaptation des plantes et des peuplements végétaux**

8 ➤ Le pangénome de *Brachypodium distachyon* met en évidence la dynamique des éléments transposables dans l'espèce

9 ➤ Le secret de la croissance du fruit de tomate enfin révélé ?

10 ➤ Un module autorégulateur de détection de la paroi cellulaire à la périphérie des cellules contrôle la croissance des plantes

11 ➤ afila : l'origine et la nature d'une innovation majeure dans l'histoire de la sélection de pois

12 ➤ Les protéines SMXL répriment la croissance des mousses via une voie de signalisation ancestrale, conservée chez les plantes terrestres

13 ➤ Découverte d'une nouvelle étape du cycle cellulaire

14 ➤ Admirer le ballet des chromosomes en méiose en temps réel

15 ➤ Première classification structurale des facteurs de transcription végétaux

16 ➤ Un livre de cuisine pour faire connaitre des variétés fermières de choux et de navets

17 ➤ Exploiter la tolérance des graines à la dessiccation pour assurer le succès de l'établissement de cultures lors de périodes de sécheresse intense et de chaleur

18 ➤ Compréhension du rôle des mitochondries dans l'initiation du développement racinaire

19 ➤ *Arabidopsis* montre une grande variabilité naturelle pour sa réponse aux stress abiotiques complexes, comme la combinaison des déficits en eau et en azote

20 ➤ Une diversité génétique jamais explorée pour comprendre l'adaptation aux changements climatiques chez les Brassica

21 ➤ OrthoLegKB - une base pour l'intégration de connaissances en graphe pour soutenir la recherche et l'amélioration variétale chez les légumineuses

22 ➤ Augmenter la densité de recombinaison dynamise la cartographie génétique

23 ➤ Explorer le microbiote rhizosphérique et racinaire des porte-greffes de vigne comme levier de l'agroécologie

24 ➤ Dispositifs - Prix - Communiqués de presse

GOS 2 **Comprendre la réponse des plantes et des peuplements végétaux aux stress climatiques, nutritifs et biotiques pour les adapter au changement climatique en systèmes agroécologiques**

28 ➤ Innovation autour d'une bioformulation superabsorbante et biostimulante

29 ➤ Vigne, vin et changement climatique

30 ➤ Le champignon *Botrytis cinerea* dégrade spécifiquement les sphingolipides des plantes infectées grâce à une phospholipase C

Sommaire (suite)

31 ➤ Un modèle de "cessez-le-feu" pour expliquer l'efficacité de transmission de *Xanthomonas citri* pv. *fuscans* aux graines de haricot

32 ➤ Cultiver des sols calcaires et faire face au changement climatique

33 ➤ Identification des déterminants génétiques de la stabilité du rendement du colza oléagineux d'hiver

34 ➤ Étude multidisciplinaire des réponses adaptatives du colza face à la sécheresse

35 ➤ Un nouvel inhibiteur de la synthèse de la cellulose affectant la sécrétion des complexes cellulose synthase et la dynamique des microtubules

36 ➤ Un parachute génétique de secours permet de maintenir la forme de la feuille en réponse à des stress

37 ➤ Chez *Arabidopsis thaliana*, la fonction isochorismate synthase codée par le gène ICS1 est nécessaire pour faire face aux carences en soufre

38 ➤ Les normes de réaction du blé entre monoculture et mélange variétal sont causées par la plasticité du tallage et l'évitement de l'ombrage

39 ➤ Rôle structurel et de signalisation dans l'assemblage de la paroi cellulaire des poils racinaires du facteur d'alcalinisation rapide 22

40 ➤ Phénotypage des connexions du xylème dans les plantes greffées à l'aide de la tomographie à rayons X

41 ➤ La gestion intracellulaire du fructose comme outil d'amélioration des performances photosynthétiques des plantes

42 ➤ Utilisation de méthodes de prédiction génomique ou phénomique pour identifier des allèles à effet faible et favorables pour la germination chez le colza

43 ➤ Robustesse et résilience face au dérèglement climatique et aux défis sanitaires, les nouveaux traits à cibler en sélection variétale

44 ➤ Exploitation d'un panel de géniteurs améliorés de pomme de terre pour identifier par génétique d'association des QTL de résistance au mildiou et aux nématodes à kyste

45 ➤ Des épimutations naturelles et induites, dont les effets peuvent être modulés par les conditions environnementales, contrôlent la résistance quantitative à la hernie des crucifères chez *Arabidopsis thaliana*

46 ➤ Communiqués de presse

GOS 3 **Identifier, comprendre et mobiliser les fonctions et les traits des plantes à la base des services pour la santé humaine/animale et environnementale**

48 ➤ Bases génétiques des interactions plante-microbiotes

49 ➤ Analyse de la compétition et de la complémentarité entre espèces dans les associations luzerne-graminées fourragères pour des prairies multi-services

50 ➤ Caractérisation d'une micro-algue verte ayant un fort potentiel de remédiation d'eaux polluées par les métaux

51 ➤ Le noyer au service des caprins

52 ➤ Sexe des plantes, attractivité des pollinisateurs et développement des fruits

GOS 4 **Améliorer les plantes et les peuplements en mobilisant les outils d'aide à la sélection pour les systèmes de cultures innovants**

55 ➤ Inscription au catalogue d'une variété de blé tendre adaptée à une culture économe en intrants

56 ➤ Inscription au catalogue officiel de 3 variétés à résistance polygénique au mildiou et à l'oïdium issues du programme ResDur : Calys N, Exelys B et Artys B

57 ➤ Imagerie confocale des graines

58 ➤ La gestion des adventices sans herbicide : quelles fonctions et quels traits des cultures améliorer grâce à la sélection ?

59 ➤ Amélioration de la prédiction et de la compréhension des interactions génotypes x environnements par intégration de données multi-omiques

60 ➤ Ouvrage sur la domestication des plantes : son passé et ses possibles futurs

61 ➤ Communiqués de presse - Événements

Le département BAP

Les recherches du département BAP visent à produire des connaissances fondamentales et opérationnelles dans le domaine des sciences du végétal. Elles ciblent le **déterminisme génétique** et **(éco)physiologique du développement**, de la **morphogénèse**, et de la **reproduction des plantes et des couverts**, en interaction avec l'**environnement biotique et abiotique**.

La conservation, la caractérisation, l'étude et la valorisation de la diversité génétique et épigénétique sont des activités majeures du département qui, avec la **production de connaissances et les développements méthodologiques**, contribuent à la **production de matériels innovants pour les espèces végétales cultivées, participant ainsi à la durabilité et la productivité des systèmes agricoles.**

En interaction avec les autres départements d'INRAE, le département BAP s'inscrit dans les objectifs stratégiques de l'Institut, en générant et diffusant des connaissances tout en alimentant les défis sociétaux, pour une production et une stabilité de production de qualité via l'adaptation des systèmes de cultures à la réduction des intrants de synthèse et au changement climatique ; et pour la préservation de l'environnement dans le contexte des transitions alimentaires actuelles et à venir.

Les grands objectifs scientifiques (GOS)

GOS1 : Gérer, décrire et analyser la diversité génétique et épigénétique pour comprendre le fonctionnement et l'adaptation des plantes et des peuplements végétaux

1.1 Caractérisation fonctionnelle de la diversité
1.2 Comprendre la dynamique et le rôle adaptatif de la diversité infraspécifique
1.3 Comprendre et prédire l'expression des gènes et leur impact au niveau plante et peuplement

GOS2 : Comprendre la réponse des plantes et des peuplements végétaux aux stress climatiques, nutritifs et biotiques pour les adapter au changement climatique en systèmes agroécologiques

2.1 Comprendre le fonctionnement des plantes et des peuplements pour les adapter aux stress climatiques et nutritifs
2.2 Comprendre et valoriser les mécanismes de l'immunité végétale pour faire face à la réduction des pesticides

GOS 3 : Identifier, comprendre et mobiliser les fonctions et les traits des plantes à la base des services pour la santé humaine/animale et environnementale

3.1 Comprendre et améliorer le métabolisme pour la qualité des produits
3.2 Comprendre la photosynthèse ; identifier les fonctionnalités des plantes pour la production de bioénergies et améliorer le stockage de carbone (atténuation du CC)
3.3 Comprendre et améliorer les interactions plantes-organismes associés pour maintenir la fertilité/qualité des sols et la biodiversité dans les agroécosystèmes

GOS 4. Améliorer les plantes et les peuplements en mobilisant les outils d'aide à la sélection pour les systèmes de cultures innovants

4.1 Prise en charge et valorisation de nouveaux allèles, de nouveaux traits, de nouveaux objets et de nouvelles espèces
4.2 Développement d'outils d'aide à la sélection et évaluation de l'innovation

Les champs thématiques (CT)

CT1 : Fonctionnement, dynamique et évolution des génomes

Étude des génomes des plantes et leurs dynamiques structurales et fonctionnelles à différentes échelles temporelles. Ces recherches fournissent les bases pour développer des approches de génomique fonctionnelle, comprendre les processus évolutifs et l'adaptation des plantes à leur environnement.

CT2 : Fonctionnement des plantes et des peuplements en interaction avec l'environnement

Étude des déterminants et mécanismes génétiques, moléculaires et physiologiques qui régissent les grandes fonctions du végétal et leur intégration aux différentes échelles biologiques, de la cellule à la plante entière et au peuplement dans l'environnement. Ces études contribuent à améliorer la productivité des cultures face au changement climatique en faibles intrants, à la qualité et la diversification des produits des végétaux.

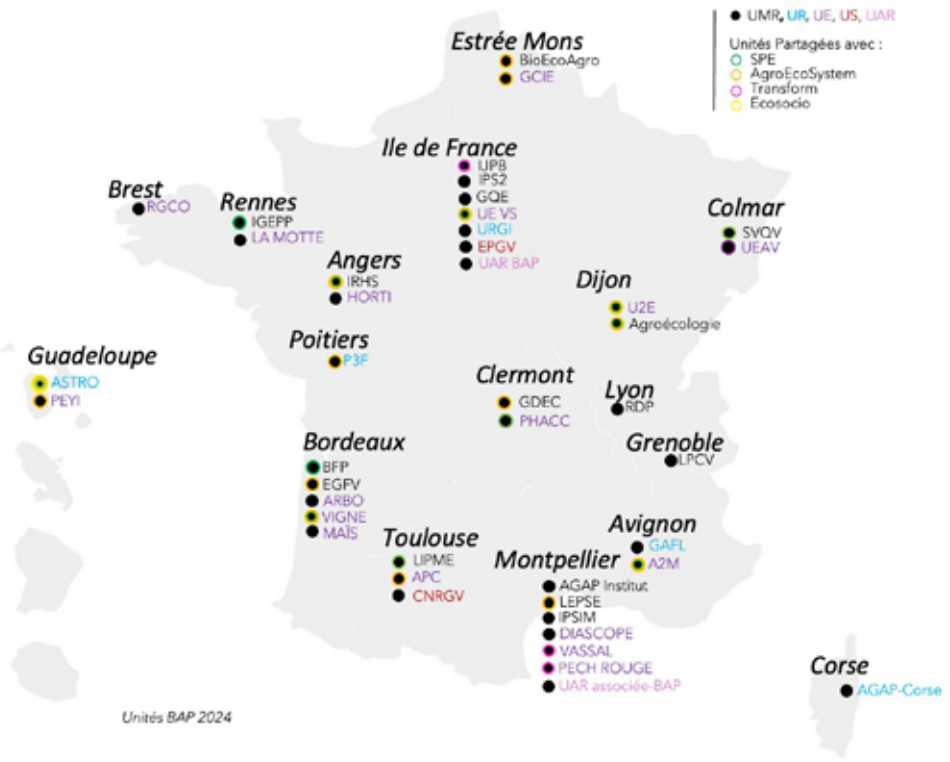
CT3 : Diversité génétique, adaptation et sélection

Description de la diversité génétique des espèces modèles ou cultivées et de leurs apparentées, de caractériser les polymorphismes façonnant les phénotypes et leur dynamique évolutive. La connaissance et la compréhension de cette diversité permettent sa valorisation à des fins de production de matériels génétiques innovants en utilisant la biologie à haut débit, les approches de sélection à l'échelle du génome et les biotechnologies.

Les dispositifs

43 unités dont

17 unités mixtes de recherche
5 unités propres de recherche
17 unités expérimentales
2 unités de service
2 unités d'appui à la recherche



- A2M - Arboriculture et maraîchage méditerranéens
- AGAP - Corse - Amélioration Génétique et Adaptation des Plantes méditerranéennes et tropicales
- AGAP Institut - Institut Amélioration Génétique et Adaptation des Plantes méditerranéennes et Tropicales
- Agroécologie - Agroécologie
- APC - AgroEcologie et Phénotypage des Cultures
- ARBO - Unité Expérimentale Arboricole
- ASTRO - Agrosystèmes Tropicaux
- BAP - Biologie et Amélioration des Plantes
- BFP - Biologie du Fruit et Pathologie
- BioEcoAgro - Transfrontalière BioEcoAgro
- CNRGV - Centre National de Ressources Génomiques Végétales
- DiaScope - Domaine Expérimental de Melgueil
- EGFV - Ecophysiologie et génomique fonctionnelle de la vigne
- EPGV - Etude du Polymorphisme des Génomes Végétaux
- GAFL - Génétique et Amélioration des Fruits et Légumes
- GCIE - Unité Expérimentale Grandes Cultures Innovation Environnement
- GDEC - Génétique, Diversité et Ecophysiologie des Céréales
- GQE-Le Moulon - Génétique Quantitative et Évolution
- HORTI - Unité Expérimentale Horticole
- IGEPP - Institut de Génétique, Environnement et Protection des Plantes
- IJPB - Institut Jean-Pierre Bourgin
- IPS2 - Institut of Plant Sciences Paris Saclay
- IPSiM - Institut des Sciences des Plantes de Montpellier
- IRHS - Institut de Recherche en Horticulture et Semences
- La Motte - La Motte
- LEPSE - Laboratoire d'Ecophysiologie des Plantes sous Stress environnementaux
- LIPME - Laboratoire des Interactions Plantes-Microbes-Environnement
- LPCV - Laboratoire Physiologie Cellulaire Végétale
- Maïs - Unité Expérimentale du Maïs
- P3F - Pluridisciplinaire Prairie et Plantes Fourragères
- Pech Rouge - Pech Rouge
- PEYI - Plateforme Expérimentale sur le végétal et les agrosYstèmes Innovants en milieu tropical
- PHACC - Phénotypage Au Champ des Céréales
- RDP - Reproduction et Développement des Plantes
- RGCO - Unité Expérimentale sur les Ressources Génétiques Végétales en Conditions Océaniques
- SVQV - Santé de la Vigne et Qualité des Vins
- U2E - Unité Expérimentale d'Epoisses
- UE VIGNE BORDEAUX - Vigne & Vin Bordeaux Grande Ferrade
- UE VS - Unité expérimentale Versailles Saclay
- UEAV - Unité d'Expérimentation Agronomique et Viticole de Colmar
- URGI - Unité de Recherche en Génomique-Info
- VASSAL - Domaine Expérimental de Vassal

Centres de ressources biologiques (CRB)

15 collections de plantes
1 collection de gènes

Ces dispositifs conservent et gèrent ex situ les collections de ressources génétiques aussi bien pour la conservation du patrimoine, que pour la recherche et l'innovation.

Les 16 CRB sous tutelles du département BAP-INRAE, en propre ou en cotutelle avec des partenaires (CIRAD, CNBP), forment l'ISC-INRAE de CRB de plantes. Ils font partie des CRB du pilier plantes de l'Infrastructure de Recherche RARe, avec 5 CRB d'autres tutelles (IRD, ESA, CIRAD, Et. Vanille de Tahiti).

22 Plateformes

Ces dispositifs fournissent des services en génomique, épigénomique, cytogénétique, transcriptomique, protéomique, métabolomique, cytologie, imagerie, collections de mutants, et phénotypage en conditions contrôlées, de la molécule à la plante entière.

Plateformes technologiques

- Chimie IPS2
  UMR IPS2 - Centre IdF - Versailles-Saclay
- CMV - Plateforme de Cytogénétique moléculaire végétale
  UMR IGEPP- Centre Bretagne-Normandie
- CNRGV - Centre National de Ressources Génomiques Végétales
  US CNRGV - Centre Occitanie-Toulouse
- EPITRANS - Plateforme Epigénomique et Recherche Translationnelle
  UMR IPS2 - Centre IdF - Versailles-Saclay
- GENTYANE - GENoTYpage et séquençage en AuvergNE
  UMR GDEC- Centre Clermont-Auvergne-Rhône-Alpes
- LIPANG - Métabolomique - lipides
  UMR LPCV - Centre Lyon-Grenoble Auvergne-Rhône-Alpes
- MSPP - Mass Spectrometry Proteomic Platform
  UMR IPSIM - Centre Occitanie-Montpellier
- OV - Observatoire du Végétal
  UMR IJPB - Centre IdF - Versailles-Saclay
- P2M2 - Plateau de Profilage Métabolique et Métabolomique
  UMR IGEPP- Centre Bretagne-Normandie
- PAPPSO - Plateforme d'Analyse Protéomique de Paris Sud-Ouest
  UMR GQE Le Moulon- Centre IdF - Versailles-Saclay
- PlantBioinfo - Plateforme de Bioinformatique des Plantes
  UR GI - Centre IdF - Versailles-Saclay
- PMB - Plateforme métabolomique Bordeaux
  UMR BFP - Centre Nouvelle-Aquitaine Bordeaux
- POPS - Transcriptmomique des plantes de Paris-Saclay
  UMR IPS2 - Centre IdF - Versailles-Saclay
- Séquençage, Génotypage
  US EPGV - Centre IdF - Versailles-Saclay
- SVQV - Plateau d'Analyse du métabolisme secondaire de la vigne
  UMR SVQV - Centree Grand Est - Colmar

Plateformes de phénotypage

- AGROPHEN - Grandes cultures, cultures de niche et cultures intermédiaires multiservices
  UE APC et UMR AGIR - Centre Occitanie-Toulouse
- DIAPHEN - Phénotypage instrumenté non destructif au champ
  UE Diascope - Centre Occitanie-Montpellier
- DIMACELL - Imagerie cellulaire
  UMR Agroécologie - Centre Bourgogne-Franche-Comté
- GPTRG - Grand plateau technique régional de génotypage
  UMR AGAP - Centre Occitanie-Montpellier
- Phéno3C - Phénotypage au champ sous contrainte climatique
  UMR GDEC et UE PHACC - Centre Clermont-Auvergne-Rhône-Alpes
- Phénotic - Phénotypage de la graine à la plante entière
  UMR IRHS - Centre Pays de la Loire
- PHIV - Histocytologie et d'Imagerie cellulaire Végétale
  UMR AGAP et B&PMP - Centre Occitanie-Montpellier

Faits marquants 2024

GOS 1

Gérer, décrire et analyser la diversité génétique et épigénétique pour comprendre le fonctionnement et l'adaptation des plantes et des peuplements végétaux

- Axe 1.1 - Caractérisation fonctionnelle de la diversité
- Axe 1.2 - Comprendre la dynamique et le rôle adaptatif de la diversité infraspécifique
- Axe 1.3 - Comprendre et prédire l'expression des gènes et leur impact au niveau plante et peuplement

Le pangénome de *Brachypodium distachyon* met en évidence la dynamique des éléments transposables dans l'espèce

Contact : Johann Confais
UR URGI, Centre INRAE IdF - Versailles-Saclay

panREPET est un nouvel outil bioinformatique qui détecte les insertions d'éléments transposables (ET) partagés entre les génomes. Au niveau de l'espèce, notre approche pangénomique cherche à détecter la diversité des insertions d'ET intra-spécifiques, à retracer leur dynamique et à comprendre comment les ET peuvent permettre à une espèce de s'adapter à son environnement local.

Contexte / enjeux

Les génomes assemblés de novo deviennent de plus en plus accessibles pour une espèce donnée ce qui peut permettre de surmonter les biais introduits par un génome de référence unique. Pour autant, les approches pangénomiques restent encore largement inexplorées pour l'étude des ET et les outils disponibles restent référence centrée. Pour avoir une représentation exhaustive des ET dans le pangénome (y compris dans le génome dispensable de la référence) il est nécessaire de développer des outils qui reposent sur un nouveau paradigme.

Résultats

Nous avons développé un nouveau pipeline, panREPET, qui compare les copies d'ET entre chaque paire d'individus puis identifie les copies partagées par un groupe d'individus. Contrairement aux outils existants, panREPET fonctionne donc indépendamment d'un génome de référence et fournit la séquence précise et le contexte génomique de chaque copie d'ET.
Nous proposons une nouvelle façon de dater les insertions d'ET grâce à l'identification des insertions d'ET partagées. Nous avons daté tous les types de copies d'ET (seules les familles LTR sont datées actuellement).
Enfin, nous avons identifié sur la base des 42 génomes de *Brachypodium distachyon*, deux "bursts" majeurs de TE correspondant à des événements climatiques clés majeurs : vers 22 kya pendant la dernière ère glaciaire et 10 kya pendant l'Holocène qui correspond au début de la déglaciation de l'Europe.

Perspectives

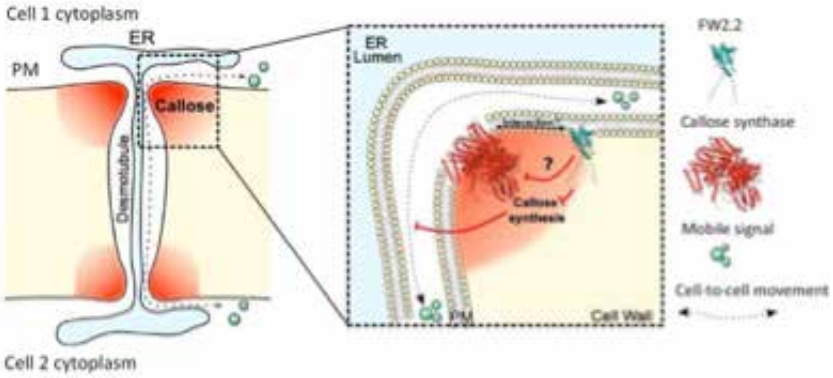
panREPET va permettre de mieux comprendre comment les lignées individuelles d'ET ont évolué au niveau des espèces. Avec la séquence précise et l'environnement génomique de chaque copie d'élément transposable (ET) dans le pangénome nous avons de nouvelles clefs pour inférer l'impact fonctionnel des ET.
Par ailleurs panREPET va étoffer l'offre de service de la plateforme PlantBioinfoPF. Une collaboration est déjà en cours avec une équipe du département BAP. En effet, pour étudier l'impact des éléments transposables sur l'évolution et la domestication de l'abricotier l'équipe de Véronique Decroocq "Prunus : Adaptation, Diversité et Amélioration" de l'UMR "Biologie du Fruit et Pathologie" va utiliser panREPET.

Valorisation

PanREPET a été développé dans le cadre de la thèse de doctorat de Somia Saidi soutenue le 23/10/2024, financée par l'ED SDSV (Structure et dynamique des systèmes vivants)
Les outils sont disponibles ici :
panTEannot : https://forgemia.inra.fr/urgi-anagen/panTEannot
panREPET : https://forgemia.inra.fr/urgi-anagen/panREPET
Preprint https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2024.06.17.598857v1.full.pdf

Publication : doi.org/10.1101/2024.06.17.598857

Mots clés : annotation des génomes/pangénomes, éléments transposables, bioinformatique, évolution



Le secret de la croissance du fruit de tomate enfin révélé ?

Contact : Christian Chevalier
UMR BFP, Centre INRAE Nouvelle-Aquitaine Bordeaux

La protéine FW2.2 associée au QTL majeur qui gouverne la taille du fruit chez la tomate a pour fonction de réguler l'activité des callose synthases, ce qui module le dépôt de callose au niveau des plasmodesmes, modifiant ainsi leur ouverture et leur perméabilité pour favoriser le trafic moléculaire de cellule à cellule, et contrôler potentiellement la croissance du fruit.

Contexte / enjeux

Le déterminisme de la taille du fruit représente un enjeu d'importance pour l'agro-industrie produisant des cultures fruitières d'intérêt commercial. Le gène FW2.2 associé au QTL majeur qui gouverne la taille du fruit chez la tomate a été cloné il y a plus de 20 ans, mais la fonction de la protéine est restée jusqu'alors non identifiée. Les données de la littérature indiquent que FW2.2 est une protéine membranaire qui exercerait un rôle de régulateur négatif des divisions cellulaires ayant ainsi une incidence dans le contrôle de la taille du fruit.

Dans cette étude, nous avons réétudié la localisation subcellulaire de FW2.2 dans la plante, et réalisé une analyse fonctionnelle qui nous a permis de mettre en lumière un rôle insoupçonné de FW2.

Résultats

Nous avons pu préciser la topologie de FW2.2 à la membrane plasmique (PM), et démontrer que FW2.2 n'est pas une protéine transmembranaire contrairement à ce qui était communément accepté. FW2.2 est ancrée dans le feuillet externe de la PM, exposant ainsi ses extrémités à l'apoplaste. De plus, nous avons pu démontrer que FW2.2 s'associe aux plasmodesmes (PD), suggérant que FW2.2 pourrait jouer un rôle majeur dans la communication intercellulaire.

La surexpression de FW2.2 augmente la perméabilité des PD dans les feuilles et dans le péricarpe des fruits, et se caractérise par un dépôt de callose plus faible que dans les plantes témoins. L'effet inverse est obtenu avec une perte d'expression de FW2.2. Une approche de protéomique a permis d'identifier les protéines interagissant avec FW2.2. De façon remarquable, FW2.2 interagit avec des callose synthases, ce qui renforce notre hypothèse sur le rôle joué par FW2.2 comme un régulateur de l'ouverture et la perméabilité des PD et du trafic moléculaire de cellule à cellule, en modulant l'activité des callose synthases et donc le dépôt de callose.

La modification d'expression de FW2.2 dans des plantes transgéniques (gain- et perte de fonction) n'a produit que de faibles effets sur la croissance du fruit, suggérant une régulation transcriptionnelle spatio-temporelle bien plus subtile. Néanmoins, après plus de 20 ans de mystère, cette étude apporte les premiers éléments fonctionnels sur le rôle de FW2.2 dans la communication intercellulaire et le trafic de molécules de signalisation via les PD, pour potentiellement réguler la taille du fruit.

Perspectives

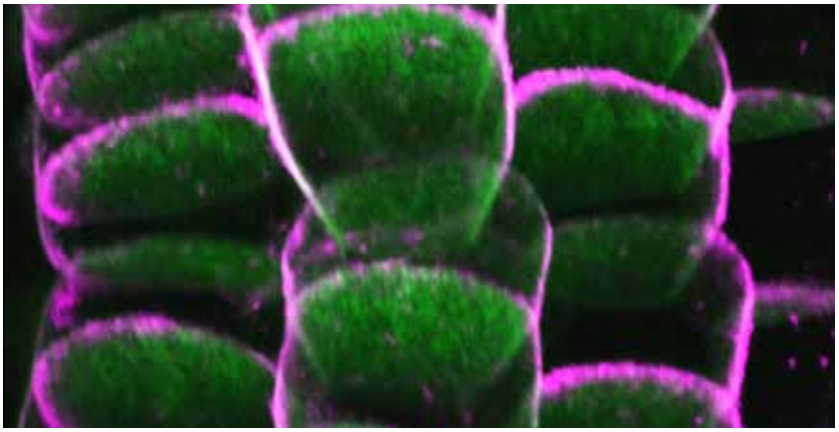
La découverte du rôle de la protéine FW2.2 dans la communication de cellule-à-cellule via le dépôt de callose au niveau du PD ouvre la voie vers l'identification définitive de sa fonction dans le contrôle de la taille du fruit. Il convient maintenant de répondre aux questions suivantes : comment la régulation de la perméabilité du PD par FW2.2 affecte concrètement la taille des fruits ? Comment cette régulation de la perméabilité du PD contrôle les divisions cellulaires au cours du développement précoce du fruit ? Et quelles molécules de signalisation diffusent à travers le PD pour affecter le cycle cellulaire ?

Valorisation

Ce travail a été réalisé dans la cadre de thèse de doctorat d'Arthur Beauchet soutenue le 06/04/2022 (Université de Bordeaux). Il a bénéficié du soutien financier de l'ANR (n° ANR-20-CE20-0002), et du GPR Bordeaux Plant Sciences de l'IdEX Université de Bordeaux.

Publication : doi.org/10.1093/plphys/kiae198

Mots clés : callose, communication cellulaire, croissance, plasmodesme, taille du fruit, tomate



Un module autorégulateur de détection de la paroi cellulaire à la périphérie des cellules contrôle la croissance des plantes

Contact : Charlotte Kirchhelle
UMR RDP, Centre INRAE Lyon-Grenoble ARA

L'étude démontre que les cellules végétales positionnent un module de détection de l'état mécanique de la paroi dans les arêtes des cellules pour réguler la synthèse de la paroi cellulaire lors de la croissance. Elle illustre comment les informations géométriques et mécaniques sont intégrées pour promouvoir une morphogenèse robuste.

Contexte / enjeux

Une question fondamentale en biologie est de savoir comment les organismes multicellulaires développent leurs formes. Au cours de la morphogenèse, les cellules adjacentes doivent coordonner leur croissance. Cette coordination est assurée par des gradients morphogéniques à l'échelle du tissu, mais ceux-ci peuvent conduire à des conflits mécaniques à l'échelle locale. Chez les plantes, les cellules ne peuvent pas changer de position en raison de leur paroi cellulaire commune, et les conflits mécaniques doivent donc être résolus en adaptant les taux de croissance.

La croissance des cellules végétales est dominée par la paroi cellulaire pecto-cellulosique, dont les propriétés biochimiques et mécaniques hétérogènes dictent la croissance locale. Les cellules végétales peuvent détecter l'état mécanique de leur paroi cellulaire et adapter leur biogenèse en conséquence. Plusieurs familles de récepteurs ont été associées à la détection de la paroi cellulaire. Néanmoins, le rôle de ces systèmes de détection dans la modification de la paroi cellulaire au cours de la croissance n'est pas bien compris. Cela peut être dû à un manque d'appréciation du contexte spatial (c'est-à-dire la géométrie 3D de la cellule) dans lequel ces signaux sont perçus et traduits dans la biogenèse de la paroi cellulaire.

Résultats

Dans cet article, nous caractérisons deux protéines réceptrices de la paroi cellulaire (RLP4s). Nous montrons que les RLP4s sont transportées par une voie de trafic sécrétoire vers les arêtes géométriques des cellules, où elles définissent un domaine de polarité unique. Les RLP4s interagissent avec la paroi cellulaire via leur domaine extracellulaire et sont rapidement éliminés en réponse à des perturbations mécaniques. Les RLP4s recrutent des transporteurs dirigés vers les arêtes dans une boucle de rétroaction positive qui est nécessaire à la promotion de la croissance directionnelle dans les racines latérales.

Perspectives

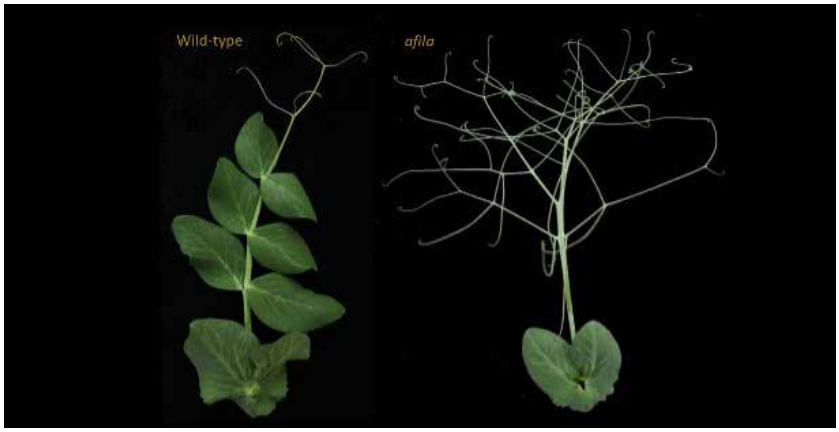
Notre travail fournit une explication mécanique de la façon dont la rétroaction mécanique de la paroi cellulaire peut être traduite en croissance directionnelle : à savoir, en utilisant la perception polarisée dans des domaines géométriques spécifiques pour réguler les changements locaux de la paroi cellulaire. Nous avons déjà commencé à étudier d'autres composants moléculaires de cette voie et la manière dont la robustesse à l'échelle de l'organe émerge de leurs interactions.

Valorisation

Ces travaux sont fondamentaux par nature et ont suscité un intérêt considérable de la part de la communauté de la biologie cellulaire et du développement (par exemple, article éditorial dans Nature Plants, nombreuses invitations à présenter des exposés lors de conférences internationales). Nous nous sommes concentrés ici sur la plante modèle *Arabidopsis thaliana*, mais les composants que nous avons identifiés sont conservés dans toutes les plantes terrestres, y compris les espèces cultivées, ce qui suggère qu'ils sont un composant essentiel de la morphogenèse et une cible potentielle pour l'amélioration des cultures.

Publication : doi.org/10.1038/s41477-024-01629-8

Mots clés : polarité cellulaire, morphogenèse, détection de la paroi cellulaire, mécanobiologie végétale



afila : l'origine et la nature d'une innovation majeure dans l'histoire de la sélection de pois

Contact : Nadim Tayeh
UMR Agroécologie, Centre INRAE Bourgogne-Franche-Comté

L'étude a permis de mettre en évidence que la délétion de deux gènes en tandem codant des facteurs de transcription est responsable du caractère afila chez cette espèce tout en identifiant des délétions plus ou moins importantes des gènes voisins. L'introgression du caractère afila dans les variétés, contribuant essentiellement à une meilleure tenue de tige, reste jusqu'à ce jour une des plus grandes innovations de la sélection de pois.

Contexte / enjeux

La mutation *afila* (*af*) provoque le remplacement des folioles par des vrilles ramifiées au niveau des feuilles composées du pois - *Pisum sativum* L. Cette mutation a été décrite pour la première fois en 1953, et plusieurs rapports de mutations *af* spontanées ont été publiés. Des mutations induites avec un phénotype similaire ont été également décrites. Malgré une introgression généralisée de *af* dans le matériel de sélection depuis les années 1970, la nature de af et l'origine des allèles utilisés sont restées inconnues. Outre le manque d'informations sur l'identité moléculaire *d'af*, la manière dont la communauté a réussi à transformer af de simples mutations spontanées observées en URSS, en Finlande et en Argentine en un critère de sélection majeur pour le pois n'était pas claire non plus. Une collaboration entre des chercheurs INRAE et des chercheurs du John Innes a donc été mise en place afin de (1) élucider les gènes qui sous-tendent le phénotype *af*, contribuant ainsi à l'identification et à la description d'un élément clé dans la détermination de la formation des feuilles chez le pois ; et (2) mettre en évidence l'origine et la prévalence des différents allèles et haplotypes associés au phénotype af.

Résultats

La combinaison des approches de génomique comparative et de génétique inverse a permis dans un premier temps d'élucider des gènes candidats au niveau du locus *Af* chez le pois. Un ensemble de cultivars et de lignées de sélection *AfAf* et *afaf* a été ensuite génotypé avec des marqueurs moléculaires liés à sept gènes consécutifs. Les résultats ont montré que la délétion de deux gènes disposés en tandem codant pour des facteurs de transcription à doigt de zinc Cys(2)His(2) de type Q, *PsPALM1a* et *PsPALM1b*, est responsable du phénotype af chez le pois. Huit haplotypes ont été révélés. Ces haplotypes diffèrent par la taille de la délétion, couvrant plus ou moins de gènes. Après *PALM1* chez la luzerne tronquée, *MPL1* chez le pois chiche et St chez le pois, cette découverte fournit des preuves supplémentaires de l'implication de facteurs de transcription C2H2 de type Q dans le contrôle de la morphologie des feuilles chez les légumineuses

Perspectives

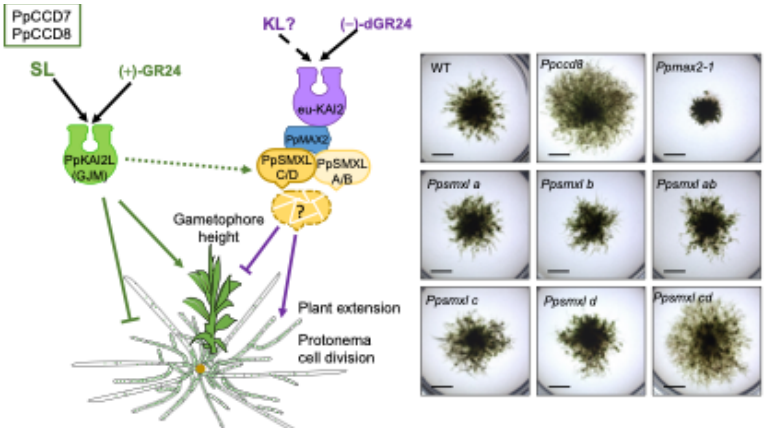
La diversité au locus *Af* est précieuse pour l'amélioration des cultures et éclaire l'histoire de la sélection du pois en vue d'améliorer sa capacité à se tenir debout. Les résultats seront utilisés pour comprendre la fonction de *PsPALM1a/b* et pour transférer les connaissances pour l'innovation dans les espèces proches.

Valorisation

Les travaux ont été valorisés par une publication scientifique qui a paru dans New Phytologist (doi: 10.1111/nph.19800).
Ils ont été également présentés lors de la conférence internationale sur la génétique et la génomique des légumineuses à Brisbane en Australie en septembre 2024.

Publication : doi.org/10.1111/nph.19800

Mots clés : feuille composée, architecture foliaire, vrilles, légumineuse, *Pisum sativum*, *PsPALM1*, délétion, versee



Les protéines SMXL répriment la croissance des mousses via une voie de signalisation ancestrale, conservée chez les plantes terrestres

Contact : Sandrine Bonhomme
UMR IJPB, Centre INRAE IdF - Versailles-Saclay

Les protéines SMXL sont des répresseurs de la croissance dont la dégradation, chez les plantes à fleurs, est induite par les strigolactones ou par le signal KL. L'étude des protéines PpSMXL de mousse a permis de montrer que le rôle de ces protéines est conservé dans la voie KL, confirmant son antériorité dans l'évolution. Cependant, chez les mousses, certaines PpSMXL régulent également la voie des strigolactones, ce qui suggèrerait une évolution convergente de ces protéines.

Contexte / enjeux

Jusqu'en 2008, les strigolactones (SL) étaient connues comme des signaux chimiques de la rhizosphère, essentiels à la mise en place des endomycorhizes, mais aussi induisant la germination des graines de plantes parasites. La découverte du rôle des SL dans le contrôle de l'architecture aérienne des plantes a ouvert la voie à de nombreux travaux pour décrypter cette nouvelle voie de signalisation hormonale. En particulier, l'étude de la perception des SL a mis en évidence une autre voie de signalisation, qui régule la germination des graines et le développement précoce des plantes. Son signal déclencheur, appelé "KAI2 Ligand" (KL), n'a pas encore été identifié. La famille des gènes SUPPRESSOR OF MAX2 1-LIKE (SMXL) code pour des facteurs protéiques répresseurs de l'une ou l'autre de ces deux voies de signalisation (SL et KL). La dégradation des protéines SMXL conduit à la levée d'inhibition des processus contrôlés par les SL ou le/les KL.

Résultats

Dans l'objectif de comprendre l'histoire évolutive des voies SL et KL, nous avons caractérisé les quatre homologues des gènes SMXL chez une bryophyte (plante non vasculaire), la mousse *Physcomitrium patens* (PpSMXLA-D). Chez *P. patens*, les SL répriment la croissance et la ramification des filaments et favorisent le développement des gamétophores (tiges feuillées). La voie KL a des effets inverses sur le développement de la mousse (induit la croissance des filaments). Des mutants de *P. patens* dans les gènes PpSMXL ont été obtenus par mutagénèses CRISPR-Cas9, ainsi que des lignées surexprimant des protéines PpSMXL. Leur caractérisation, et la sensibilité réduite des mutants à une molécule mime du signal KL, indiquent que les protéines PpSMXL agissent comme répresseurs de la signalisation KL. De plus, les double mutants Ppsmxlcd sont globalement insensibles à un analogue de SL, ce qui suggère que PpSMXLC et D pourraient également réguler positivement la réponse aux SL.

Perspectives

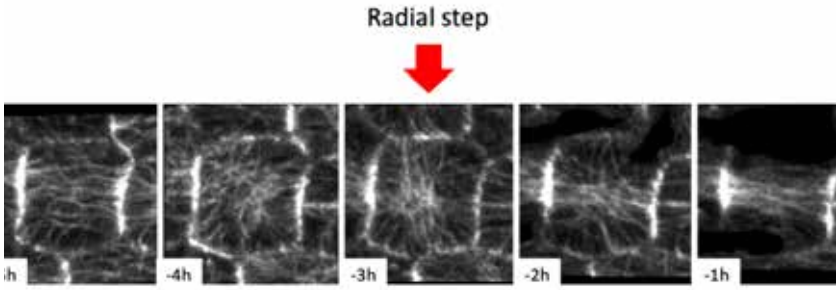
Le mode d'action des protéines PpSMXL dans la signalisation KL de la mousse *P. patens* ressemble à celui décrit chez les plantes à fleurs et chez une autre bryophyte du genre Marchantia. Cette fonction de répresseur serait donc ancestrale chez les plantes terrestres. En revanche, la fonction des protéines PpSMXLC et D dans la signalisation SL pourrait être spécifique des mousses. Chez les plantes à fleurs, la protéine à boîte F qui cible les protéines SMXL vers la dégradation est commune aux 2 voies SL et KL. Nos travaux suggèrent donc la possibilité d'une évolution convergente chez *P. patens* qui mérite d'être étudiée plus avant.

Valorisation

L'identification du ou des ligands appelé(s) jusqu'à présent "KL" reste un défi pour la communauté scientifique. Ce ligand serait potentiellement un nouveau signal hormonal, à tout le moins un nouveau régulateur de la croissance des plantes. Une meilleure connaissance de la régulation de la voie KL chez toutes les plantes terrestres devrait permettre de relever ce défi.

Publication : doi.org/10.1093/plcell/koae009

Mots clés : Signalisation hormonale-strigolactones-bryophyte



Découverte d'une nouvelle étape du cycle cellulaire

Contact : Olivier Hamant
UMR RDP, Centre INRAE Lyon-Grenoble ARA

Nous avons découvert une nouvelle étape du cycle cellulaire où les microtubules ne s'alignent plus avec les contraintes mécaniques. Nous proposons que cette étape permette à la cellule de percevoir sa propre géométrie, indépendamment du contexte mécanique, pour contrôler la précision de la symétrie de la division cellulaire.

Contexte / enjeux

Le contrôle de la division cellulaire est une question centrale en biologie. Bien que le contrôle moléculaire, géométrique et mécanique de la mitose soit désormais bien documenté dans tous les règnes, certaines questions importantes restent ouvertes. Cela inclut notamment les étapes interphasiques précédant la mitose, et la précision de la division cellulaire.

Résultats

Dans cet article, nous avons découvert une nouvelle étape avant la division cellulaire chez les plantes, qui précède la formation bien documentée de l'anneau de préprophase. En utilisant l'imagerie quantitative, les biomathématiques et l'analyse de mutants, nous montrons que les cellules présentent un pattern radial reproductible de microtubules corticaux. Celui-ci s'écarte de manière transitoire du co-alignement des microtubules corticaux avec les contraintes de tension lors de l'interphase.

Le "radial step" se produit indépendamment de la forme des cellules, des conditions de croissance ou de la perturbation du transport de l'auxine polaire. Bien que nous fournissions la preuve que ce pattern existe dans différents tissus, une autre avancée dans cet article est l'utilisation de la tige comme organe modèle, où le patron de contrainte tissulaire est stable (comme démontré précédemment par modélisation informatique et expérimentalement, voir Verger et al., 2018 eLife). Ceci nous permet de conclure que 3 heures avant la division cellulaire, les microtubules corticaux deviennent aveugles au stress tissulaire pour devenir radiaux.

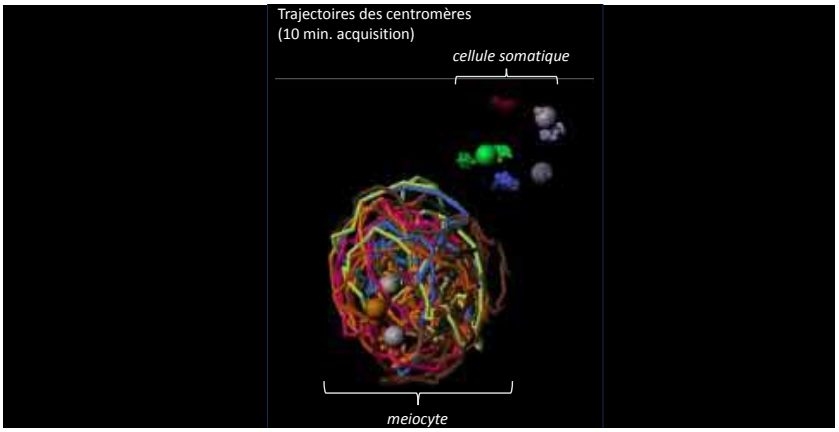
Nous constatons également que l'organisation radiale transitoire des microtubules corticaux corrèle temporellement avec l'augmentation des microtubules intracytoplasmiques à la fin de la phase G2. En utilisant le mutant trm678 présentant une accumulation accrue de microtubules cytoplasmiques, nous révélons que l'organisation radiale des microtubules corticaux est plus nette et dure plus longtemps dans ce contexte. Fait intéressant, nous constatons également que trm678 présente des divisions cellulaires symétriques avec un écart type réduit. Finalement, cela produit un scénario dans lequel la division cellulaire est contrôlée plus tôt qu'on ne le pensait initialement. Avant la formation de l'anneau de préprophase, les cellules accumulent des microtubules cytoplasmiques, ce qui désorganise leurs microtubules corticaux. Cela favoriserait la détection de la géométrie cellulaire au détriment de la détection du stress tissulaire. En d'autres termes, le compromis entre la détection des signaux internes et externes avant la division cellulaire est séquentiel : les cellules détectent d'abord leur géométrie pour déterminer leur symétrie, indépendamment du stress tissulaire, et au stade de l'anneau de préprophase, elles contrôlent l'orientation de la division cellulaire, en tenant compte du stress tissulaire.

Perspectives

Il s'agit d'un message simple, avec des implications importantes pour tous les biologistes et biophysiciens intéressés par la division cellulaire. Les suites incluent l'analyse de mutants qui auraient un radial step altéré, pour en découvrir d'autres fonctions, et la recherche de protéines associées aux microtubules à cette étape si particulière du cycle cellulaire. Au-delà de la nouveauté pour la communauté des sciences végétales, nos résultats font écho à l'étape de "cell rounding" dans les épithélia de drosophile, qui a été proposée pour agir comme une étape de réinitialisation avant la division cellulaire. Toutefois, chez la drosophile, la modulation du cell rounding et l'impact associé sur la précision de la division cellulaire restent encore à étudier.

Publication : doi.org/10.1073/pnas.2320470121

Mots clés : division cellulaire, microtubules, robustesse, signaux mécaniquese



Admirer le ballet des chromosomes en méiose en temps réel

Contact : Mathilde Grelon
UMR IJPB, Centre INRAE IdF - Versailles-Saclay

Au cours de la méiose chez *Arabidopsis thaliana* les chromosomes sont attachés par leurs télomères à l'enveloppe nucléaire et soumis à des mouvements drastiques. Cette dynamique des chromosomes est nécessaire à la formation de gamètes viables et donc à la fertilité de l'espèce.

Contexte / enjeux

La reproduction sexuée est une source majeure de diversité génétique. Chez toutes les espèces, qu'elles soient animales ou végétales, cette reproduction repose sur l'alternance de phases où les chromosomes parentaux s'associent (fécondation, rencontre de deux gamètes parentaux) et se séparent (méiose, formation des gamètes). Pour que la séparation des chromosomes lors de la méiose soit équilibrée, il est essentiel que les chromosomes homologues se reconnaissent et s'associent en paires, appelées bivalents. Toute perturbation de cette association peut entraîner de graves problèmes de stérilité chez les parents ou des anomalies chromosomiques chez la descendance. La façon dont les chromosomes parentaux se reconnaissent dans un espace nucléaire encombré de chromosomes non homologues et s'associent sans provoquer d'enchevêtrements problématiques reste un grand mystère.

Résultats

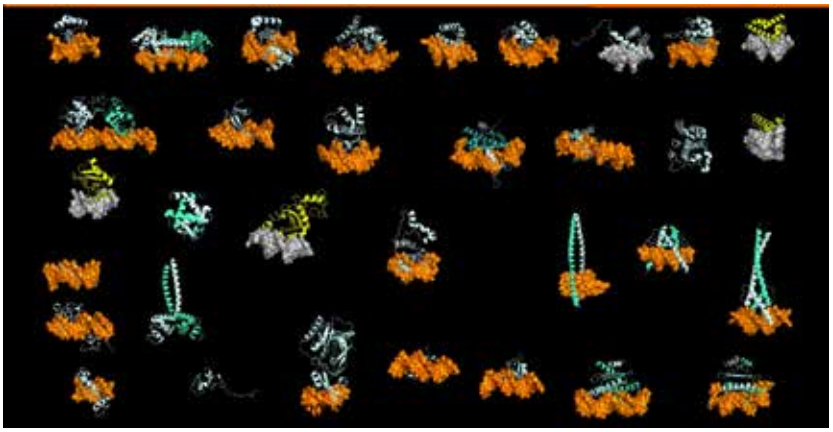
Grâce à l'étude de la dynamique des chromosomes dans des cellules vivantes, nous avons mis en évidence que chez la plante modèle *Arabidopsis thaliana*, les chromosomes, lors de cette phase de recherche et d'association, sont animés de mouvement extrêmement rapides, comme s'ils étaient secoués violemment dans l'espace nucléaire. Notre étude a non seulement révélé ces mouvements chez les plantes, mais également permis leur analyse quantitative. En testant l'impact de mutations affectant divers aspects de la machinerie cellulaire (recombinaison, structure des chromosomes, composants de l'enveloppe nucléaire), nous avons découvert que les mouvements des chromosomes dépendent avant tout de l'accrochage des chromosomes par leurs extrémités (télomères) à l'enveloppe nucléaire.

Perspectives

Ces résultats démontrent la conservation de ces mouvements chromosomiques méiotiques chez les plantes et établissent *A. thaliana* comme une nouvelle espèce modèle pour leur étude fonctionnelle. Nous allons désormais pouvoir analyser en détail les mécanismes et la fonction de cette dynamique chromosomique si particulière. Nous espérons ainsi répondre aux questions suivantes : Comment les chromosomes trouvent-ils leur partenaire ? Quels sont les impacts sur la fertilité de la suppression de ces mouvements chromosomiques ? Et enfin quels rôles ces mouvements ont-ils sur la recombinaison méiotique ?

Publication : doi.org/10.1038/s41467-024-50169-4

Mots clés : reproduction des plantes, recombinaison, méiose, recherche fondamentale



Première classification structurale des facteurs de transcription végétaux

Contact : Francois Parcy
UMR LPCV, Centre INRAE Lyon-Grenoble ARA

Chez les plantes comme chez tous les organismes vivants, les facteurs de transcription sont des protéines essentielles pour les réponses à l'environnement ou la genèse des organes. Les plantes possèdent un jeu original de facteurs de transcription. Pourtant aucune classification de ces protéines n'existait. Nous avons bâti la première classification structurale des facteurs végétaux, base de référence internationale pour les études futures.

Contexte / enjeux

Les facteurs de transcription représentent une classe de protéines essentielles aux plantes, jouant des rôles clé dans tous les processus (développement, réponse à l'environnement et donc domestication). Ce sont elles qui, en se liant à l'ADN, y décryptent les informations pour la régulation de tous les gènes. Les plantes disposent d'un jeu unique de TF avec certains communs aux animaux et d'autres qui leur sont spécifiques. Même si certains restent sans doute encore à découvrir, les études de génomique fonctionnelle ont identifié la majorité de la diversité des facteurs végétaux et les études et prédictions structurales indiquent, pour la plupart, comment se font les liaisons à l'ADN. Il était donc grand temps de proposer un tableau organisé de l'éventail des facteurs de transcription végétaux et de leur mode de contact à l'ADN.

Résultats

Nous avons utilisé le cadre formel de la classification TF-Class, établie initialement chez les humains puis étendue aux mammifères. Elle s'organise en Super Classes, Classes, Familles et Sous-familles. Utilisant une combinaison de données structurales disponibles et de modélisation, nous avons créé Plant-TFClass qui regroupe les 56 types de facteurs qu'on trouve chez les plantes. Pour représenter les spécificités végétales, nous avons dû créer 8 nouvelles classes et 37 familles nouvelles !

Perspectives

Cette classification est avant tout un état des lieux descriptif mas organisé. Il servira de base dans les études évolutives (naissance des classes et familles, effectifs dans les grands groupes de plantes) mais aussi pour les études fonctionnelles. Nous l'avons déjà connectée à la base TAPSCAN qui répertorie les gènes individuels de facteurs dans les différents génomes. Elle est appelée à évoluer à la marge en fonction de la résolution de nouvelles structures.

Valorisation

Cette base qui devrait être largement citée, identifie notre équipe comme référence dans le domaine au niveau international.

Publication : doi.org/10.1016/j.tplants.2023.06.023

Mots clés : facteurs de transcription, classification, biologie structurale, référence internationale

Un livre de cuisine pour faire connaitre des variétés fermières de choux et de navets

Contact : Anne-Marie Chèvre
UMR IGEPP, Centre INRAE Bretagne-Normandie

Dans le cadre du projet UE Prima BrasExplor, de nombreuses variétés fermières ou populations sauvages de navets ou de choux ont été collectées sur un large gradient climatique. Leur maintien en culture dépend de leur usage et c'est pourquoi il nous a paru important de les faire connaître à travers un e-book de recettes de cuisine. A partir de variétés ou de populations locales de quatre pays, des recettes adaptées à chacune sont proposées en 5 langues.

Contexte / enjeux

L'adaptation aux changements climatiques est un enjeu majeur. Depuis longtemps les agriculteurs sélectionnent localement des variétés adaptées à leurs conditions environnementales. Ces variétés ne correspondent pas toujours aux performances agronomiques actuelles ou ont des qualités gustatives différentes de ce qui est attendu sur les marchés standards. Beaucoup sont en train de disparaître ; certaines restent disponibles dans les centres de ressources biologiques ou chez quelques jardiniers qui les cultivent encore et les multiplient. Pour les choux et les navets, elles existent du Nord de la France au sud de l'Algérie et présentent donc des adaptations à des climats très différents. Cette conservation in situ est une source de diversité génétique précieuse à conserver. Nous les avons collectées sur un large gradient climatique dans le cadre d'un projet UE Prima BrasExplor. Les partenaires de quatre pays (Algérie, France, Italie et Slovénie) ont recueilli les recettes de cuisine qui leur sont associées. Nous faisons le pari que montrer leur usage à travers des recettes de cuisine permettra leur maintien, voire leur promotion sur les marchés.

Résultats

A partir des variétés fermières ou des populations sauvages en Sicile, des recettes correspondant à chacune ont été rédigées en indiquant le nom, la localisation et les caractéristiques de chaque population, la façon de la cuisiner avec une photo du plat final. Huit à dix recettes sont proposées par pays. Après une traduction par chaque partenaire en anglais, nous avons rédigé dans chacune de nos langues (arabe, français, italien, slovène) les recettes de tous. Le livre se présente donc (1) par le choix d'une langue, (2) par une introduction dans la langue choisie et la liste des auteurs puis (3) à partir d'un sommaire de toutes les recettes classées par pays avec un lien permettant de découvrir celle choisie. Le document a été déposé dans data-gouv.

Perspectives

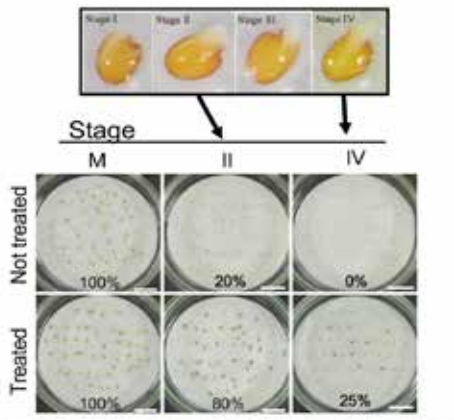
Cet ouvrage sera diffusé très largement au sein de chaque pays et à l'UNESCO via Prima.

Valorisation

A partir des premières expérimentations réalisées dans chaque pays, la caractérisation de ces variétés pour leur tolérance aux contraintes biotiques et abiotiques est en cours. Il sera possible d'exploiter ultérieurement ces ressources pour la création de populations de prebreeding adaptées à chaque pays pour les choux et les navets mais également pour le colza, qui est un hybride naturel entre ces deux espèces.

Ouvrage : doi.org/10.57745/YD4VHS

Mots clés : variétés fermières, Brassica



Exploiter la tolérance des graines à la dessiccation pour assurer le succès de l'établissement de cultures lors de périodes de sécheresse intense et de chaleur

Contact : Jérôme Verdier
UMR IRHS, Centre INRAE Pays de la Loire

La germination, une étape clé pour l'établissement des cultures, représente une période où les semences sont particulièrement vulnérables aux stress multiples. Des chercheurs d'INRAE ont découvert une molécule capable d'améliorer la survie des semences après la germination, même en cas de sécheresse ou de fortes chaleurs survenant après le semis.

Contexte / enjeux

Le stade post-germination est une phase critique durant laquelle les jeunes plantules sont particulièrement vulnérables aux stress environnementaux, pouvant entraîner leur mortalité, et donc une baisse du rendement final. La tolérance à la dessiccation, un mécanisme de protection, permet aux graines matures de survivre en état sec en tolérant des niveaux d'eau cellulaire inférieurs à 10 %. Ce mécanisme, activé durant la maturation des graines, est désactivé lors de la germination (phase d'imbibition pré-germinative) par des mécanismes de régulation chromatidienne inhibant l'expression des gènes associés à cette tolérance.

Résultats

Des chercheurs d'INRAE ont identifié le mécanisme de régulation chromatidienne des gènes de tolérance à la dessiccation des graines. Ils ont ainsi mis en évidence des gènes et des processus moléculaires responsables de l'inactivation de cette tolérance avant la germination, due à la condensation des régions chromatidiennes contenant ces gènes. Une petite molécule endogène de nature protéique a été découverte, capable de maintenir ce processus actif après l'imbibition des graines en empêchant cette condensation chromatidienne.

Perspectives

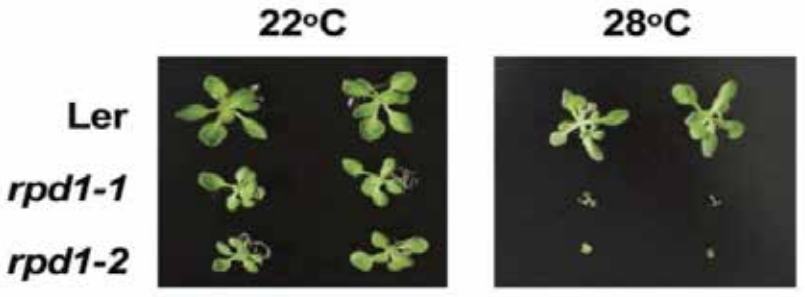
La germination est une phase critique où les graines sont particulièrement vulnérables aux divers stress environnementaux, notamment la sécheresse. Cette invention démontre qu'il est possible de prolonger les mécanismes de tolérance à la dessiccation au-delà de la germination en ajoutant simplement cette molécule au moment de l'imbibition des graines. Cela permet aux graines en cours de germination de survivre à des périodes de sécheresse ou de fortes chaleurs survenant juste après le semis. La preuve de concept a été établie sur les semences d'*Arabidopsis* et de tomate, mais pourrait être appliquée à de nombreuses autres espèces, monocotylédones et dicotylédones, puisque cette molécule protéique a été identifiée dans plus de 30 espèces végétales.

Valorisation

Demande de brevet internationale PCT/EP2024/076324 du 19 septembre 2024 "Molecular means to extend desiccation tolerance during seed germination" (sous priorité d'une demande EP23306545.7 du 19 septembre 2023, déposée suite à la déclaration d'invention DIRV-23-0062).
Inventeurs : VERDIER Jérôme, SANO Naoto, MALABARBA Jaiana

Demande de brevet : PCT/EP2024/076324 du 19 septembre 2024

Mots clés : semences, germination, dessiccation, stress hydrique



Compréhension du rôle des mitochondries dans l'initiation du développement racinaire

Contact : Hakim Mireau
UMR IJPB, Centre INRAE IdF - Versailles-Saclay

Cette étude révèle que le gène *ROOT PRIMORDIUM DEFECTIVE 1* (*RPD1*), localisé dans les mitochondries, est essentiel à l'épissage mitochondrial. Ses mutations thermosensibles perturbent ce processus, entraînant un dysfonctionnement mitochondrial et une inhibition du développement racinaire. Ce travail met ainsi en évidence le rôle clé des mitochondries dans la régulation du développement végétal, au-delà de leur fonction énergétique.

Contexte / enjeux

La recherche de mutants conditionnels via des criblages génétiques représente un outil puissant pour l'étude de nombreux processus biologiques essentiels. C'est dans ce cadre que le gène *RPD1* a été initialement identifié, lors d'une étude visant à caractériser les facteurs impliqués dans le développement racinaire chez *Arabidopsis thaliana* (Konishi et al., 2003). Deux mutations thermosensibles (TS) du gène *RPD1* ont été sélectionnées, produisant des plantes capables de former des racines adventives in vitro à 22°C, mais incapables de le faire à 28°C. La cartographie des mutations TS du gène *RPD1* a révélé qu'elles affectaient un gène appartenant à une famille de 15 membres codant des protéines se liant à l'ARN et adressées aux mitochondries et aux chloroplastes, sans toutefois expliquer clairement le rôle de RPD1 dans la croissance racinaire (Konishi et al., 2006). Une implication potentielle de RPD1 dans la maturation des ARN des organites était alors envisagée, tandis que sa fonction précise dans le développement racinaire demeurait incertaine.

Résultats

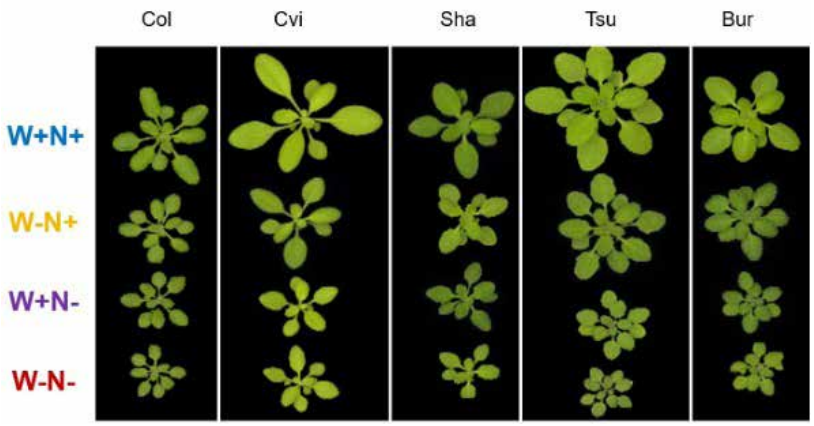
La localisation de la protéine RPD1 a révélé qu'elle résidait exclusivement dans les mitochondries. L'étude de sa fonction a démontré qu'elle est essentielle à l'épissage de neuf introns mitochondriaux et qu'elle s'associe physiquement à ces introns *in vivo*. Nos analyses ont, en outre, démontré que les mutations thermosensibles (TS) dans le gène *RPD1* altèrent également sa fonction dans l'épissage mitochondrial, ce qui ne permet pas de dissocier le rôle de RPD1 dans l'initiation du développement racinaire de sa fonction dans l'épissage. Nos résultats suggèrent que l'inhibition du développement racinaire provoquée par la perte d'activité de RPD1 est une conséquence du dysfonctionnement mitochondrial qu'elle engendre. Ces observations confirment que les mitochondries ne se limitent pas à leur rôle de centrales énergétiques, mais qu'elles jouent également un rôle clé dans la régulation de programmes de développement des plantes, notamment de par leur influence sur l'homéostasie des espèces réactives de l'oxygène (ROS) et des hormones végétales.

Perspectives

Nos résultats renforcent l'idée que les mitochondries jouent des rôles essentiels dans le développement des plantes et la signalisation cellulaire. Ces fonctions additionnelles des mitochondries végétales, encore largement méconnues, impliquent vraisemblablement leur contrôle étroit sur la régulation des niveaux de ROS et des hormones végétales.

Publication : doi.org/10.1093/nar/gkae072

Mots clés : racine, meristème, développement, mitochondries, introns, respiration



Arabidopsis montre une grande variabilité naturelle pour sa réponse aux stress abiotiques complexes, comme la combinaison des déficits en eau et en azote

Contact : Olivier Loudet
UMR IJPB, Centre INRAE IdF - Versailles-Saclay

Comprendre les mécanismes de réponse des plantes aux stress passe souvent par l'étude de stress individuels, sans nécessairement aborder les interactions majeures qui apparaissent dans la nature ou au champ, où les stress se combinent dans une dynamique complexe. Dans cette étude, nous révélons l'étendue de la diversité naturelle existant chez l'espèce *Arabidopsis thaliana* en réponse au stress hydrique et à la déficience en azote, seuls ou combinés.

Contexte / enjeux

La combinaison des stress engendrent des interactions non prédictibles sur la base des réponses aux stress pris individuellement. De plus il existe une grande diversité génétique dans les réponses au stress entre différentes accessions (lignées sauvages) d'*Arabidopsis* par exemple. Dans ce travail nous avons cherché à caractériser les interactions génotype x disponibilité en eau x disponibilité en azote, en mettant en place un large plan expérimental exploitant les plateformes de l'Observatoire du Végétal de l'IJPB (Phenoscope, Chimie-Métabolisme) ainsi que la plateforme de transcriptomique POPS de l'IPS2.

Résultats

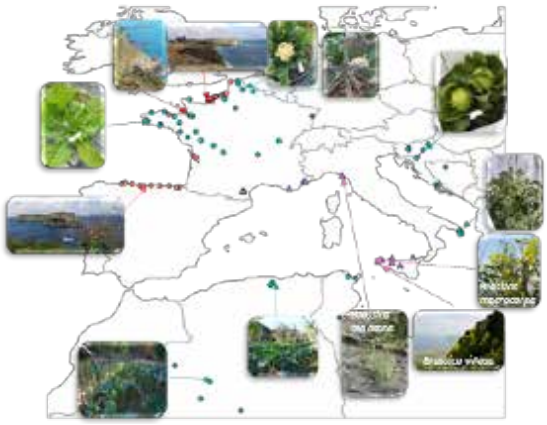
Le principal résultat que nous avons obtenu montre que les limitations en eau et en azote entrent en interaction d'abord au niveau de la mise en place du stress par la simple modification de la demande en azote lorsque le stress hydrique produit ses effets. Ensuite, d'autres interactions eau x azote sont décrites mais celles-ci sont très souvent variables d'une accession à l'autre. Une analyse multi-omique a enfin permis d'identifier les groupes de caractères (phénotypes/transcrits/métabolites) qui discriminent le mieux les réponses au stress des différentes accessions, ouvrant des pistes intéressantes en particulier lorsque cela implique des transcrits non connus fonctionnellement.

Perspectives

Ce travail essentiellement descriptif dans un premier temps (que l'on peut qualifier de 'systems genetics') ouvre la porte à une caractérisation plus ciblée -par exemple grâce à des approches de génétique quantitative ou de modélisation- portant sur les caractères phénotypiques et moléculaires mis en évidence comme étant soit les plus pertinents pour comprendre l'interaction eau x azote, soit les plus variables d'une accession à l'autre.

Publication : doi.org/10.1093/plcell/koae173

Mots clés : Arabidopsis, stress combinés, variabilité naturelle, eau, azote



Une diversité génétique jamais explorée pour comprendre l'adaptation aux changements climatiques chez les Brassica

Contacts : Anne-Marie Chèvre & Laurène Gay
UMR IGEPP, Centre INRAE Bretagne-Normandie
UMR AGAP, Centre INRAE Occitanie-Montpellier

L'objectif du projet UE Prima BrasExplor a été de rassembler et d'explorer ce matériel végétal pour tenter d'identifier les déterminants génétiques de l'adaptation au climat. Ce matériel servira de support à la création de populations de prébreeding adaptées à chaque pays ainsi qu'à l'amélioration du colza qui est un hybride naturel entre ces deux espèces.

Contexte / enjeux

Dans un contexte de changements climatiques, il est indispensable de comprendre comment une même espèce végétale s'adapte à des contraintes environnementales différentes afin de préparer les variétés de demain. Parmi le peu d'espèces cultivées originaires du pourtour du bassin méditerranéen, il existe entre le nord de l'Europe et les régions sub-sahariennes des populations sauvages ou des variétés fermières sélectionnées localement par des agriculteurs de choux (*Brassica oleracea*, CC, 2n=18) ou de navets (B. rapa, AA, 2n=20). Ce matériel végétal est méconnu et mal caractérisé. Nous avons donc exploité ces populations très originales pour tenter d'identifier les déterminants génétiques de l'adaptation aux changements climatiques, dans le cadre d'un projet UE Prima BrasExplor, réunissant 6 pays (Algérie, France, Espagne, Italie, Slovénie et Tunisie) et 11 partenaires. Nous avons pu collecter plus de 100 populations sauvages ou fermières sur un large gradient climatique allant du nord de la France au sud de l'Algérie pour ces deux espèces avec une description précise du lieu de récolte (climat, sol, environnement, pratiques culturales). En complément d'approches GEA (Genome x Environment Associations), des analyses moléculaire et phénotypique (capacité germinative -GEVES France, résistance au froid -CREA Italie, au chaud -INIA Espagne, structure du microbiote -IGEPP, autoincompatibilité - USTHB, Algérie) ont permis une caractérisation fine de ce matériel. De plus des core collections ont été construites et expérimentées dans 7 lieux (Algérie, France, Italie, Slovénie et Tunisie) sur la base de critères communs pour vérifier comment une même variété se développe dans des conditions environnementales très différentes.

Résultats

- Collecte de 112 et 154 populations de B. oleracea et de B. rapa. L'étude de leur capacité germinative et le contrôle de l'identité botanique ont été réalisées par cytométrie, séquençage d'une région chloroplastique et caractérisation cytogénétique. Ceci a permis de conserver 100 et 131 populations de B. oleracea et de B. rapa après validation (Figure, Falentin, Hadj-Arab et al. 2024)
- Multiplication sur un même site et diffusion d'un matériel homogène à l'ensemble des partenaires
- Définition de core collections emboitées (12, 24, 48) prenant en compte la diversité géographique et moléculaire pour les deux espèces
- Analyse génomique de ces différentes populations et de leur diversité génétique qui révèle que (1) les populations de *B. oleracea* se structurent principalement par morphotype (choux-fleurs, brocolis, choux pommés, choux raves, choux fourragers), les populations sauvages étant proches des choux fourragers pourraient être des populations férales, (2) les populations fermières de *B. rapa* forment un cluster important auxquels appartiennent les populations sauvages françaises qui pourraient être férales alors que les populations sauvages algériennes et italiennes apparaissent très différentes.
- Identification des régions génomiques impliquées dans l'adaptation (AGAP, publication in prep) en tirant profit de l'analyses conjointe des données génomiques et climatiques. Identification de 13 gènes impliqués dans la structure du microbiote fongique et bactérien chez les populations sauvages de *B. rapa* (France et d'Italie) (Maillet et al. 2024)
- Caractérisation moléculaire et phénotypique pour divers traits : germination sous contraintes thermiques, réponse aux températures chaudes et froides, système d'auto-incompatibilité, structure du microbiote. Des régions génomiques impliqués dans ces différents traits ont pu être identifiées (publications en préparation)
- Les données collectées dans les essais au champ des core-collections dans 7 lieux sont en cours d'analyse.

Perspectives

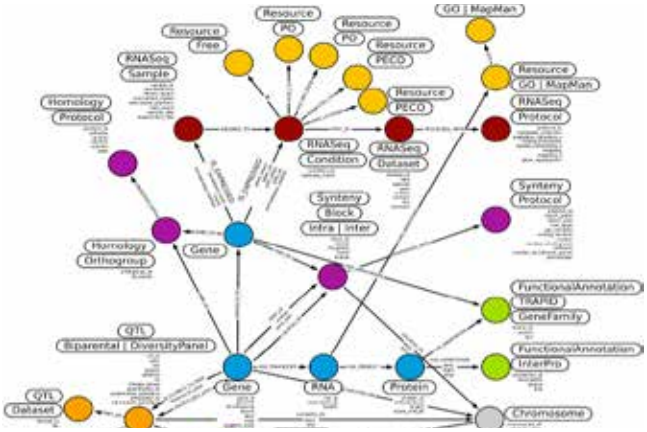
La caractérisation de ce matériel très original servira de support à la création de populations de prébreeding de choux et de navets adaptées à chaque pays ainsi qu'à l'amélioration du colza qui est un hybride naturel entre ces deux espèces. Ce matériel continue à être caractérisé pour sa tolérance aux contraintes biotiques (en particulier les insectes). Cette étude est également une opportunité pour faire connaître et assurer le maintien des populations fermières à travers notamment la publication d'un livre de recettes de cuisine de 4 pays.

Valorisation

Les données moléculaires publiées seront disponibles via NCBI. Les populations en cours de remultiplications seront disponibles par pays dans les CRB (France (https:/-igepp.rennes.hub.inrae.fr), Slovénie (https://www.kis.si/en), Espagne (https://www.upm.es/recursosidi), les discussions sont cours pour l'Algérie, l'Italie et la Tunisie.

Projet :UE Prima BrasExplor (2020-2024):

Mots clés : biodiversité, adaptation aux changements climatiques, Brassica



OrthoLegKB - une base pour l'intégration de connaissances en graphe pour soutenir la recherche et l'amélioration variétale chez les légumineuses

Contacts : Nadim Tayeh & Raphaël Flores
UMR Agroécologie, Centre INRAE Bourgogne-Franche-Comté
URGI, Centre INRAE IdF - Versailles-Saclay

L'étude démontre que les cellules végétales positionnent un module de détection de l'état mécanique de la paroi dans les arêtes des cellules pour réguler la synthèse de la paroi cellulaire lors de la croissance. Elle illustre comment les informations géométriques et mécaniques sont intégrées pour promouvoir une morphogenèse robuste.

Contexte / enjeux

L'agriculture durable et la gestion des écosystèmes agricoles face aux changements climatiques et à l'évolution des régimes alimentaires sont des enjeux majeurs pour la sécurité alimentaire mondiale. Les légumineuses, en tant que cultures de première importance, jouent un rôle clé dans les rotations, notamment en améliorant la fertilité des sols, en réduisant l'utilisation d'engrais chimiques et en servant de ressources alimentaires de qualité. Cependant, pour répondre à ces enjeux, il est essentiel de mieux comprendre la génétique de ces espèces afin de renforcer leur résilience face aux stress abiotiques et biotiques. Le développement d'outils d'analyse génomique, comme OrthoLegKB, permet de croiser différentes sources de données (génétiques, génomiques, transcriptomiques) pour explorer par exemple les mécanismes adaptatifs des légumineuses face aux conditions climatiques extrêmes. Ce projet s'inscrit dans une démarche de recherche appliquée visant à utiliser la diversité génétique pour améliorer la sélection des plantes et promouvoir des pratiques agricoles plus durables et résilientes. Ainsi, OrtholegKB répond aux besoins croissants de ressources informatiques puissantes et accessibles pour la recherche sur les plantes et la gestion des cultures.

Résultats

OrthoLegKB est une instance d'un graphe de connaissances interconnectées qui regroupe des informations provenant de plusieurs disciplines scientifiques, telles que la génomique, la transcriptomique et la génétique quantitative. L'intégration de données d'orthologie et de plusieurs ontologies spécialisées enrichit les données, facilitant l'exploration des relations entre les gènes de différentes espèces étudiées. Cette intégration s'appuie sur le framework Ortho_KB. Les utilisateurs peuvent naviguer à travers des interactions complexes entre les gènes, visualiser des annotations fonctionnelles et interroger le graphe pour identifier des gènes associés à des traits d'intérêt, comme la tolérance à la sécheresse, la résistance aux maladies, ou la fixation de l'azote. Grâce à la plateforme PlantBioinfoPF, OrtholegKB offre une interface interactive et accessible qui simplifie la requête et l'analyse de données complexes, soutenant ainsi les travaux de recherche fondamentale et appliquée. Les résultats obtenus grâce à OrthoLegKB contribuent à une meilleure compréhension des mécanismes génétiques sous-jacents et à l'identification de gènes candidats pour la sélection de nouvelles variétés.

Perspectives

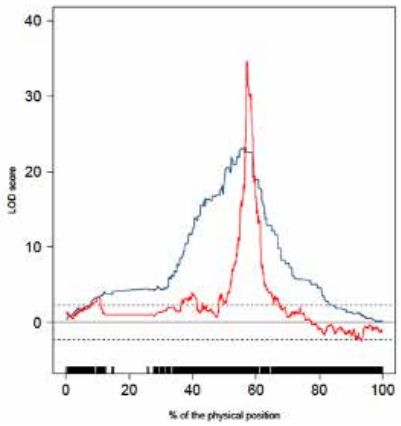
Les perspectives de développement pour OrthoLegKB incluent l'extension de la base de données à d'autres espèces de légumineuses et de plantes d'intérêt agronomique. L'intégration de nouvelles données génomiques et phénotypiques permettra d'augmenter la couverture de la diversité génétique des espèces étudiées et d'améliorer les capacités prédictives du graphe. De plus, l'intégration de données provenant d'autres projets de recherche et de nouvelles ontologies enrichira les analyses et offrira des perspectives d'interconnexion avec d'autres ressources bioinformatiques.
Une autre évolution envisagée est l'usage de modèles de langage pour interroger le graphe en langage naturel, ce qui simplifierait l'accès aux données complexes et améliorerait l'interaction des utilisateurs avec l'application.
À terme, OrthoLegKB pourrait devenir un outil clé pour la sélection de nouvelles variétés de légumineuses adaptées aux conditions climatiques futures. Ce projet pourrait aussi favoriser des collaborations internationales, permettant ainsi d'accélérer la recherche et le développement chez les légumineuses et certainement d'autres cultures essentielles pour la sécurité alimentaire.

Valorisation

OrthoLegKB a été développé dans le cadre de la thèse de B. Imbert, financée par l'Université Bourgogne-Franche-Comté. B. Imbert a été complètement impliqué dans les activités de recherche du projet PPR SPECIFICS.
Le service est disponible sur la plateforme PlantBioinfoPF.
OrtholegKB est aussi un vecteur de collaboration interdisciplinaire et de partage de données, renforçant l'expertise collective sur la génétique des légumineuses et leur rôle dans la résilience des systèmes agricoles face au changement climatique. Il est un élément important du projet européen BELIS (http://www.belis-project.eu/ ; Horizon Europe, agrément n°101081878).

Publication : doi.org/10.3389/frai.2023.1191122

Mots clés : base de données, orthologie, QTL, génomique comparative, stress biotiques abiotiques, traits, agroécologie



Augmenter la densité de recombinaison dynamise la cartographie génétique

Contact : Olivier Loudet
UMR IJPB, Centre INRAE IdF - Versailles-Saclay

Il est depuis longtemps théorisé que la limitation principale à la résolution de la cartographie génétique des caractères complexes dans une population en ségrégation réside dans la densité des recombinaisons le long des chromosomes. Cette hypothèse a désormais été démontrée grâce à la comparaison de 2 populations en ségrégation, dont l'une offre une densité de recombinaison 6 fois supérieure à l'autre. La cartographie des loci contrôlant différents caractères s'en trouve fortement améliorée.

Contexte / enjeux

Grâce à la découverte de gènes régulant à la baisse le nombre de crossing-over par chrosomose et par méiose, il est désormais possible de libérer les taux de recombinaisons génomiques en mutant ces gènes. Chez *Arabidopsis*, 2 populations en ségrégation (F2) ont été générées en parallèle à partir du croisement entre Col et Ler, l'une dans un contexte génétique 'sauvage' (taux de recombinaison 'normal') et l'autre dans un contexte 'mutant' (taux de recombinaison 6 fois supérieur à la normale). L'objectif de l'étude était d'étudier les conséquences de cette augmentation de recombinaison sur la ségrégation de différents caractères phénotypiques et la cartographie de leurs bases génétiques (les QTLs).

Résultats

Le premier résultat obtenu montre que l'augmentation de la recombinaison dans la population ne modifie pas la ségrégation phénotypique au sein de la population. Par contre, la précision de cartographie des loci majeurs qui contrôlent l'essentiel de la variation de ces caractères est dramatiquement améliorée, avec des pics de détection beaucoup plus fins (cf illustration) et des intervalles de confiance fortement réduits. Sur 2 loci majeurs, la cartographie fine permet même d'aboutir à des niveaux de précisions comparables avec la génétique d'association. Par ailleurs, lorsque plusieurs loci sont proches (et en particulier lorsqu'un locus secondaire est a proximité d'un locus majeur), la population hyper-recombinante semble permettre de mieux appréhender et identifier les QTLs secondaires.

Perspectives

La manipulation des niveaux de recombinaisons devient possible aussi dans de nombreuses plantes cultivées, ce qui ouvre la voie à l'intégration de ces approches dans les programmes de sélection variétale, avec un potentiel significatif pour améliorer la précision et l'efficacité des processus de sélection.

Publication : doi.org/10.1038/s42003-024-06530-w

Mots clés : recombinaison, cartographie, génétique quantitative, Arabidopsis

Explorer le microbiote rhizosphérique et racinaire des porte-greffes de vigne comme levier de l'agroécologie

Contact : Virginie Lauvergeat
UMR EGFV, Centre INRAE Nouvelle-Aquitaine Bordeaux

L'analyse du microbiome des compartiments sol-rhizosphère-racine de dix combinaisons greffon/porte-greffe de vigne cultivées sur un même sol montre que le génotype du porte-greffe joue un rôle majeur sur la composition et la structure de la communauté microbienne associée aux racines. Les fonctions prédites associées à ses communautés sont variables en fonction des porte-greffes et les indices de diversité observés sont corrélés à des caractères phénotypiques d'intérêt.

Contexte / enjeux

Développer des pratiques agroécologiques nécessite de prendre en compte de nouveaux caractères pour l'amélioration des plantes, comme la capacité d'association avec des microorganismes bénéfiques du sol, par exemple les rhizobactéries ou les mycorrhizes. Ces microorganismes peuvent en effet fournir des ressources en éléments minéraux à la plante afin de favoriser sa croissance. Ils sont aussi capables d'induire des mécanismes de défense permettant à la plante d'être mieux armée contre des agents potentiellement pathogènes. Chez la vigne, plante cultivée greffée, l'enjeu est d'abord d'identifier les combinaisons greffon/porte-greffe s'associant avec un microbiote fonctionnel le plus favorable en fonction des conditions pédoclimatiques. Puis dans un deuxième temps, comprendre les mécanismes impliqués dans la communication plante/microbiote du sol, tels que la rhizodéposition, sera nécessaire pour définir les traits fonctionnels qui pourront servir de marqueurs dans des programmes de sélection.

Résultats

Dix combinaisons de greffon/porte-greffes cultivées dans la parcelle GreffAdapt, sur le site de l'UE Vigne de Bordeaux ont été analysées lors de cette étude. Sur cette parcelle, plantée en 2015, les vignes sont suivies annuellement pour différents caractères de phénologie, croissance, rendement et qualité des raisins. Des échantillons de racines, de rhizosphère et de sol brut ont été prélevés à différentes périodes de l'année. L'analyse de la composition et de la structure des communautés bactériennes et fongiques a été effectuée via la technique de métabarcoding qui correspond à du séquençage ciblé de l'ADN (gènes codant l'ARN ribosomique 16S pour les bactéries, l'ITS pour les champignons et l'ARNr 28S/18S pour les champignons mycorrhiziens à arbuscules, les Gloméromycètes). Les résultats montrent que le génotype du porte-greffe influence les indices de diversité du microbiote rhizosphérique et racinaire alors que le cépage (greffon) joue un rôle plus limité. La diversité fonctionnelle prédite du microbiome est différente en fonction des porte-greffes. Des indices de diversité sont corrélés avec certains caractères phénotypiques.

Perspectives

Après avoir sélectionné les porte-greffes les plus intéressants, l'objectif est d'identifier les mécanismes impliqués dans la sélection des microorganismes bénéfiques. Pour cela nous analyserons les molécules exsudées par les racines et jouant un rôle dans l'interaction avec le microbiote du sol. La récolte d'exsudats pourra se faire via des expérimentations en conditions contrôlées telle que la culture en hydroponie. En parallèle la caractérisation du métabolome de la rhizosphère prélevée en parcelle viticole a été initiée afin rechercher des métabolites spécifiques. L'étude du comportement de ces porte-greffes dans des conditions de culture agroécologiques et/ou en réponse à différents types de stress abiotiques permettra de fournir des indicateurs concernant les traits fonctionnels liés à l'interaction avec le microbiote du sol à implémenter dans les modèles et les programmes de sélection.

Publication : doi.org/10.1111/1758-2229.13318

Mots clés : vigne, porte-greffes, sol, microbiome, mycorrhizes

Une méthode innovante permettant d'augmenter la diversité et de faciliter l'amélioration génétique des espèces cultivées polyploïdes via la dérégulation de la recombinaison méiotique : ex du colza

Contact : Mathieu Rousseau-Gueutin
UMR IGEPP, Centre INRAE Bretagne-Normandie

En jouant sur le niveau de ploïdie, nous avons démontré qu'il était possible de modifier naturellement le contrôle strict de la recombinaison méiotique et ainsi faciliter la diversification génétique ou la combinaison d'allèles favorables chez les espèces cultivées polyploïdes.

Contexte / enjeux

L'évolution, l'adaptation et l'amélioration des espèces repose sur l'existence d'une importante diversité génétique. Cette dernière est fortement utilisée par les sélectionneurs pour créer des variétés élites performantes, à faible impact environnemental et adaptée à des environnements changeants. Cette création de diversité est réalisée via la formation de crossovers (ou COs = échanges d'ADN entre chromosomes homologues) au cours de la recombinaison méiotique. Cependant, ce mécanisme est très fortement régulé, limitant son exploitation. En effet, il existe un faible nombre de COs à chaque génération et ceux-ci ont majoritairement lieu dans les régions distales des chromosomes, empêchant de cumuler des allèles d'intérêt (ex : gènes de résistance à des stress (a)biotiques) ou de supprimer des allèles défavorables présents dans des régions dites froides pour la recombinaison. Il est donc crucial d'identifier de nouvelles méthodes permettant de modifier la recombinaison et ainsi de favoriser la formation de COs dans des régions normalement dépourvues de recombinaison.

Résultats

En utilisant le colza comme organisme modèle, nous avons pu démontrer que les individus présentant un niveau de ploïdie impair (ex : lors du croisement du colza allotétraploïde et l'un de ses espèces diploïdes parentales) présentaient une dérégulation massive de la recombinaison. En effet, ces individus présentent une augmentation de la fréquence de crossovers y compris dans des régions non recombinantes. Ceci est d'autant plus important que ces régions présentent des milliers de gènes y compris des gènes de résistance à des stress biotiques et abiotiques.

Nous avons aussi démontré que cette dérégulation peut être maintenue ou supprimée à la génération suivante. De plus, nous avons apporté de nouvelles pistes sur les mécanismes moléculaires potentiellement impliqués dans ces modification du contrôle de la recombinaison, en identifiant notamment l'augmentation de l'expression de certains gènes méiotiques.
Cette méthode jouant sur le niveau de ploïdie permet donc de déréguler à la demande le contrôle de la recombinaison méiotique chez les espèces polyploïdes, et va grandement faciliter l'amélioration génétique de ces dernières.

Perspectives

A l'avenir, il nous semble primordial de mieux comprendre quels sont les mécanismes moléculaires à l'origine de cette dérégulation de la recombinaison méiotique (étude de données transcriptomiques et épigénomiques en cours). Ceci nous permettra de potentiellement transférer ces connaissances à d'autres espèces cultivées présentant elles-aussi une diversité génétique érodée. De plus, il sera important de déterminer si cette dérégulation permet de supprimer d'autres veroux majeurs en amélioration des plantes, notamment lors de l'introgression de caractères d'intérêt provenant d'espèces apparentées ou génétiquement plus distantes.

Valorisation

Cette modification du contrôle de la recombinaison est actuellement utilisée dans divers projets, notamment avec la filière professionnelle pour faciliter l'introgression et l'identification de gènes de résistance à des stress biotiques (ex : projet 'Club Phoma').

Publication : doi.org/10.1093/plcell/koae208

Mots clés : colza, amélioration génétique, recombinaison, polyploïdie

Dispositifs

Laboratoire International Associé 'LIA HortiLab' France-Chine

Dans le cadre du partenariat entre le RDP et Huazhong Agricultural University-Wuhan-Chine, le Laboratoire International Associé 'HortiLab' a été créé dans le domaine de l'horticulture et des plantes ornementales.
Ce laboratoire implique également l'UMR IPS2 de Paris-Saclay.

Mots clés : horticulture, plante ornementale, développement des plantes

Contact : Mohammed Bendahmane
UMR RDP, Centre INRAE Lyon-Grenoble ARA

Laboratoire International Associé 'LIA iWUE' France-Australie

Le LIA iWUE (Isotopic biomarkers of water use efficiency and carbon allocation), a été créé pour 5 ans entre INRAE, l'Australian National University et l'Université d'Angers. Son objectif est de suivre les cycles du carbone et de l'eau et de mettre à jour des marqueurs isotopiques de performance des plantes cultivées.

Mots clés : physiologie végétale, assimilation du carbone, transpiration végétale, caractéristique isotopique, cycle de l'eau

Contact : Guillaume Tcherkez
UMR IRHS, Centre INRAE Pays de la Loire

Microscope à super-résolution Stellaris 8 STED-FLIM à la Plateforme de Cytologie/Imagerie de l'Observatoire du Végétal

Un matériel qui permet l'imagerie à super-résolution de type STED (Stimulated Emission Depletion Microscopy) ainsi que l'analyse rapide de temps de vie de fluorescence FLIM (Fluorescence Lifetime Imaging Microscopy). Ce dispositif permettra d'accéder à des nanostructures jusqu'alors impossibles à visualiser

Mots clés : STED, nanostructrures, FLIM, imagerie fonctionelle

Contact : Bertrand Dubreucq
UMR IJPB, Centre INRAE IdF - Versailles-Saclay

Communiqués de presse

Lancement du projet européen Pro-Wild : protéger et promouvoir les espèces sauvages apparentées aux plantes cultivées

Lire le communiqué >>>

Le projet Pro-Wild, abréviation de "Protect and Promote Crop Wild Relatives", se concentre sur 3 des espèces les plus cultivées en Europe : le blé, la betterave sucrière et le colza. La production de nouvelles variétés est considérée comme un moyen essentiel d'atténuer les impacts anticipés du changement climatique. Le projet Pro-Wild vise à mieux préserver, caractériser et exploiter la diversité génétique des espèces sauvages apparentées pour créer des cultures mieux adaptées.

Ce projet est coordonné par INRAE et rassemble 19 partenaires à l'international.

Pro-Wild, qui se déroulera de 2024 à 2029, s'articulera autour de 3 axes principaux :

- Conservation in situ : cartographie, caractérisation et protection des espèces sauvages apparentées aux plantes cultivées (CWR) dans leurs habitats naturels.
- Conservation ex situ : propagation, conservation et catalogage des CWR en dehors de leur environnement naturel afin de préserver leur matériel génétique.
- Activités de pré-sélection : identifier les caractéristiques souhaitables des CWR et incorporer ces caractéristiques dans les programmes de sélection d'élite pour améliorer la diversité génétique et la résilience des cultures.

Contact : Jacques Le Gouis
UMR GDEC, Centre INRAE Clermont-ARA

Pourquoi les roses ont des épines ?

Lire le communiqué >>>

Les aiguillons, nommés à tort "épines" pour les rosiers, sont apparus chez diverses variétés de plantes au cours de centaines de millions d'années d'évolution. Un consortium international de recherche, mené par le Cold Spring Harbor Laboratory aux États-Unis et impliquant INRAE, a découvert le gène à l'origine de la présence des aiguillons chez différents genres de plantes, dont les rosiers. Ces résultats, publiés le 01 août dans la revue Science, montrent l'existence d'un programme génétique commun à l'origine des aiguillons.

Les chercheurs ont utilisé une combinaison d'approches génétiques, dont la création d'une cartographie génétique par croisement de différentes espèces d'aubergines, afin de localiser la position du gène contrôlant le développement des aiguillons, qui n'avait jusqu'alors jamais été identifié.

Ils ont découvert que le gène LOG est le déterminant dans le contrôle du développement des aiguillons. Ce gène est impliqué dans la synthèse de cytokinine, une hormone végétale essentielle pour la prolifération cellulaire et pour le développement de la plante. Les chercheurs ont ensuite identifié ce gène au sein du génome d'autres espèces, dont le rosier. L'altération ou la suppression du gène, causant une perte d'aiguillons, a permis de confirmer son rôle dans l'apparition des excroissances.

Contact : Mohammed Bendahmane
UMR RDP, Centre INRAE Lyon-Grenoble ARA

Prix

Médailles de l'Académie d'Agriculture de France

Contact : Nadim Tayeh, UMR Agroécologie

Nadim Tayeh a reçu le prix Limagrain pour ses travaux sur la génétique et la génomique des légumineuses.

Contact : Matthieu Barret, UMR IRHS

Matthieu Barret a obtenu le prix Jean Dufrenoy pour ses travaux pionniers en écologie des semences et le développement de nouvelles méthodes de protection.

Prix EMBO Young Investigator

Contact : Charlotte Kirchhelle, UMR RDP

EMBO, l'organisation européenne de biologie moléculaire, a récompensé Charlotte Kirchhelle en tant que jeune chercheuse dans le domaine de la biologie cellulaire et du développement des plantes.

Tout en développant ses activités scientifiques avec 4 jeunes chercheurs dédiés au projet ERC EDGE-CAM (qui étudie les mécanismes en jeu sur les bords des cellules lors du développement des plantes), elle a pris la direction de l'équipe MechanoDevo en 2024.

Meilleure présentation orale au IAS 9th World Congress On Allelopathy

Contact : Oumayma Mhamdi, UMR IJPB

Les pesticides posent des problèmes environnementaux et sanitaires. L'allélopathie, mécanisme par lequel les plantes libèrent des composés chimiques influençant la croissance des plantes voisines, offre une alternative prometteuse pour réduire leur usage. L'équipe étudie ces mécanismes via des études de génétique d'association et de métabolomique. O. Mhamdi a présenté ses travaux au congrès d'allélopathie en 2024, remportant le prix de la meilleure présentation orale.

Faits marquants 2024

GOS 2

Comprendre la réponse des plantes et des peuplements végétaux aux stress climatiques, nutritifs et biotiques pour les adapter au changement climatique en systèmes agroécologiques

- Axe 2.1 - Comprendre le fonctionnement des plantes et des peuplements pour les adapter aux stress climatiques et nutritifs
- Axe 2.2 - Comprendre et valoriser les mécanismes de l'immunité végétale pour faire face à la réduction des pesticides

Innovation autour d'une bioformulation superabsorbante et biostimulante

Contact : Jane Roche
UMR GDEC, Centre INRAE Clermont-ARA

La présente innovation fait état d'une formulation biodégradable créée à partir de composés naturels (sucres), biostimulante et superabsorbante possédant deux fonctions : celle de réserve hydrique permettant de répondre à la résilience des plantes en conditions de privation d'eau et celle de stimulateur du métabolisme permettant de stimuler leur croissance et leur développement.

Contexte / enjeux

Actuellement, le secteur agricole est confronté à des défis concomitants consistant à augmenter la productivité pour nourrir une population mondiale croissante, et à améliorer l'efficacité de l'utilisation des ressources naturelles disponibles, tout en réduisant son impact sur les écosystèmes et la santé humaine. Cette équation est d'autant plus critique qu'elle doit aussi tenir compte des changements climatiques et en particulier la disponibilité et la gestion de l'eau. Au cours des trois dernières décennies, plusieurs innovations ont été proposées pour améliorer la durabilité des systèmes de production agricole, en réduisant de manière significative le recours à des produits synthétiques (pesticides et les engrais). Une innovation prometteuse et respectueuse de l'environnement serait l'utilisation de biostimulants naturels qui améliorent la croissance des plantes et l'efficacité d'utilisation des nutriments. Les biostimulants se distinguent des engrais traditionnels et des produits phytosanitaires par leur mode d'action, qui ne repose pas directement sur l'apport de nutriments mais sur la stimulation des processus naturels des plantes dans le but d'améliorer leur tolérance aux stress abiotiques. La bioformulation (BioSAP) s'inscrit dans cette dynamique et constituerait une alternative agroécologique pour lutter contre la sécheresse dans des cultures maraîchères. Par ailleurs, l'expérimentation dans le cadre du dispositif "La Ceinture Verte Auvergne" permettrait de proposer une solution réaliste et viable pour l'agglomération clermontoise.

Résultats

Nous avons développé une bioformulation 100 % biosourcée baptisée "BioSAP" avec les deux propriétés suivantes : 1) une capacité très importante d'absorption d'eau (superabsorbant), constituant une "réserve" utilisable par les plantes. 2) une activité de biostimulation des plantes de blé, en conditions de stress hydrique. Par application racinaire, les plantes traitées avec le BioSAP conservent une teneur en eau relative entre 95-90% pendant 7 jours alors que celle des plantes non traitées diminue jusqu'à atteindre 65%. En outre, la croissance racinaire est activée sur de plantules de blé de 8 jours.

Perspectives

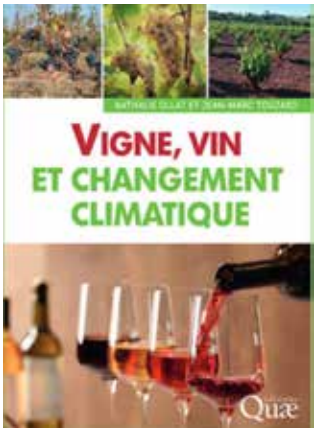
L'utilisation de notre innovation BioSAP est généralisable à d'autres secteurs de l'agriculture ; comme le secteur maraîcher et l'horticulture ; mais également les produits de jardinage. D'autres applications que l'application racinaire sont envisagées, comme l'application foliaire et des formulations à base de polysaccharides encapsulant des molécules actives sont en cours d'étude.

Valorisation

Dans un contexte de réduction des intrants (pesticides et eau), l'innovation BioSAP propose une méthode alternative naturelle permettant d'améliorer les performances des cultures dans un contexte environnemental fluctuant.

Brevet : n° FR24/01568 (Borjas A., Delattre C. Mouzeyar S., Roche J. 2024)

Mots clés : blé, biostimulant, résilience, stress hydrique, superabsorbant



Vigne, vin et changement climatique

Contacts : Nathalie Ollat & et Jean-Marc Touzard
UMR EGFV, Centre INRAE Nouvelle-Aquitaine Bordeaux

L'ouvrage fait la synthèse des impacts du changement climatique dans la filière, explore les leviers d'adaptation depuis le changement de cépage jusqu'à la relocalisation des vignobles et montre comment ces leviers peuvent se combiner dans des stratégies à plusieurs échelles, du viticulteur jusqu'à la politique climat du secteur.

Contexte / enjeux

Après dix ans de recherche interdisciplinaires sur l'adaptation au changement climatique dans la filière vigne et vin, le projet LACCAVE (Métaprogramme ACCAF) s'est achevé en 2021, impliquant une centaine de chercheurs et doctorants, associés à 25 unités de recherche et en partenariat avec plusieurs organisations du secteur (FranceAgrimer, INAO, APCA, Intrerprofessions...). Pour valoriser l'ensemble des résultats, un projet d'ouvrage a été conduit en 2023 avec les éditions QUAE, et publié en février 2024.
L'ouvrage, soutenu par les départements ACT, BAP, Agroecosystem et Transform et par le métaprogramme CLIMAE, est coordonné par Nathalie Oallat (EGFV Bordeaux, BAP) et Jean-Marc Touzard (UMR Innovation, ACT). Au-delà de la valorisation de travaux de recherche, il répond à des attentes fortes d'acteurs d'une filière très sensible au changement climatique et qui a engagé une stratégie climatique sur la base des travaux du projet LACCAVE, se traduisant en 2024 par le lancement de démonstrateurs territoriaux pour faire face à l'enjeu climatique (Vitilience).

Résultats

L'ouvrage, est sorti en février 2024 à l'occasion du salon de l'agriculture. Il rassemble les contributions de 70 chercheurs et partenaires en couvrant (et actualisant) l'ensemble des thématiques prises en compte dans le projet LACCAVE : analyse des impacts du changement climatique dans la filière (phénologie, stress hydrique ou thermique, qualité du vin, maladies, risques...) ; exploration des leviers d'adaptation possibles (changement de cépage, pratiques viticoles et œnologique, irrigation, relocalisation des vignobles) ; co-construction de stratégies d'adaptation combinant ces leviers à plusieurs échelles, du viticulteur jusqu'à la politique climat du secteur. L'ouvrage montre aussi l'importance de prendre en compte les attentes des consommateurs et de développer des démarches participatives favorisant l'expérimentation et le partage d'expériences pour faire face à l'urgence climatique.

Perspectives

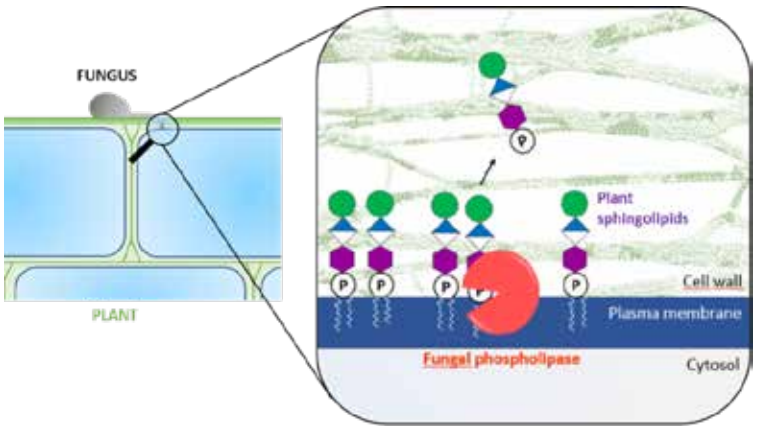
L'ouvrage est gratuit en e-book à télécharger et payant en version papier. Il a reçu un accueil très favorable (cf valorisation), conduisant QUAE à une réédition de la version française papier dés l'été 2024. L'ouvrage a été traduit en anglais courant 2024 pour une publication en janvier 2025.

Valorisation

L'ouvrage a fait l'objet d'une actualité nationale d'INRAE lors de sa sortie, le 7 mars, et d'une promotion lors du salon de l'agriculture (stand dédié).
Il a obtenu le prix 2024 de l'OIV (Organisation internationale de la vigne et du vin) dans la catégorie "viticulture durable".
Une émission "La terre au carré" sur France-Inter lui a été lui a été entièrement consacré (le 17 avril) et il a été mentionné dans plusieurs reportages pour le "journal météo climat" sur france2 et France3, ou dans les journaux de France3 Occitanie (07 avril), France Bleu Hérault (10 avril), ou d'un podcast de 50mn de radiovino...
Il a fait l'objet de recensions par le centre de veille et prospective du MAAF et de revues comme Futuribles ou Vitisphère, mais il a aussi présenté dans de nombreux articles de journaux grands public comme Telerama, SudOuest, La Marseillaise, France24 ou Midi Libre.

Ouvrage : Ollat N., Touzard J.-M. (Eds.), 2024. Vigne, vin et changement climatique, Versailles : éditions QUAE, 280 p.

Mots clés : changement climatique, vigne et vin, adaptation, co-construction de stratégies



Le champignon *Botrytis cinerea* dégrade spécifiquement les sphingolipides des plantes infectées grâce à une phospholipase C

Contact : Aline Voxeur
UMR IJPB, Centre INRAE IdF - Versailles-Saclay

Une analyse oligoglycomique a montré que B*otrytis cinerea*, un agent phytopathogène nécrotrophe est capable de dégrader des lipides hautement complexes et vitaux de la plante hôte. Leur dégradation au cours du processus infectieux libère des oligosaccharides phosphorylés, identiques à ceux que la plante génère au cours de son développement.

Contexte / enjeux

Botrytis cinerea, responsable de la pourriture grise, est un champignon nécrotrophe qui peut infecter une large gamme de plantes dont la tomate et la vigne. Afin de développer des stratégies durables et efficaces pour atténuer son impact sur l'agriculture, il est indispensable d'élucider les mécanismes qui régissent la biologie de ce champignon ainsi que ses interactions avec les plantes hôtes.
B. cinerea est particulièrement connu pour sa capacité à dégrader la paroi des plantes. Ce processus libère des oligosaccharides dont certains possèdent la capacité d'activer les défenses de la plante hôte. Afin d'avoir une meilleure connaissance des oligosaccharides produits au cours de l'infection, l'équipe Glycanes et Signalisation (GAS) de l'unité IJPB a réalisé une caractérisation exhaustive des oligosaccharides accumulés au cours de l'interaction *A. thaliana*/ *B. cinerea*.

Résultats

De nouveaux oligosaccharides, accumulés au cours de l'infection, qui n'avaient jamais été caractérisés jusqu'alors, ont été découverts. Alors que le but premier était de caractériser de nouveaux oligosaccharides issus de la dégradation de la paroi, l'équipe GAS a finalement identifié des glycanes inositol phosphate (IPGs), issus de lipides vitaux de la membrane plasmique et hautement complexes de la plante hôte : les glycosylinositol phosphorylceramides (GIPCs). Elle a également caractérisé l'enzyme fongique impliquée dans la dégradation de ces lipides. Celle-ci, fortement exprimée au cours de l'infection et initialement annotée comme une sphingomyelinase dans le génome de B. cinerea, s'est révélé être une GIPC-Phospholipase de type C.

Perspectives

L'activité biologique de ces IPGs ainsi que le rôle de la phospholipase C dans la virulence de l'agent pathogène ont maintenant besoin d'être explorés. La purification de ces IPGs est en cours ainsi que la génération de mutants de *B. cinerea* pour cette phospholipase.

Valorisation

Ces travaux ont fait l'objet d'une publication dans Communications Biology ainsi que d'une communication orale lors de la XVI[ème] édition du Cell Wall Meeting à Malaga (Espagne).

Publication : doi.org/10.1038/s42003-024-07064-x

Mots clés : Botrytis cinerea, Oligosaccharides, sphingolipides, phospholipase

Un modèle de "cessez-le-feu" pour expliquer l'efficacité de transmission de *Xanthomonas citri* pv. *fuscans* aux graines de haricot

Contact : Jérôme Verdier
UMR IRHS, Centre INRAE Pays de la Loire

Cette étude met en lumière un modèle d'interaction de type "cessez-le-feu" entre une bactérie pathogène et une graine pendant la maturation, permettant à celle-ci de se développer et germer, malgré des modifications épigénétiques affaiblissant ses défenses lors de la germination.

Contexte / enjeux

Lutter contre les maladies des plantes reste un enjeu majeur de la recherche agronomique, en particulier, dans un contexte de réduction des pesticides. Les graines sont les vecteurs de nombreux microorganismes et constituent une source d'inoculum pour certains agents pathogènes. Comprendre les mécanismes qui sous-tendent leur transmission aux graines pourrait permettre d'identifier de nouvelles méthodes de lutte. La bactérie *Xanthomonas citri* pv *fuscans* (Xcf) se transmet par les graines de haricot, d'autant plus efficacement en l'absence de symptômes visibles. Nous avons utilisé des techniques de piégeage moléculaire afin de lever le verrou technique lié aux faibles quantités de bactéries pour déchiffrer le dialogue moléculaire entre la bactérie et la graine.

Résultats

En condition de tailles des populations bactériennes modérées, l'expression des gènes de la graine et de la bactérie a été suivie lors du développement de la graine après inoculation des boutons floraux. Au cours de la phase de remplissage, la graine détecte la présence de la bactérie et tente de mettre en place un premier niveau de défense. La bactérie déploie un arsenal d'attaque et interfère avec ces défenses, en particulier sur les voies de signalisation qui servent à induire une réaction de défense généralisée, permettant l'augmentation des tailles de populations bactériennes. Au cours de la maturation des graines, l'expression des gènes bactériens impliqués dans l'attaque diminue jusqu'à ne plus activer de réponse de la graine. Cette trêve permet à la graine d'achever sa maturation et de conserver sa capacité à germer. La graine mature contaminée porte cependant des modifications épigénétiques (méthylations de l'ADN) dans les régions promotrices de plusieurs gènes de défense. Ces méthylations répriment ces gènes de défense lors de la germination de graines inoculées issues de porte-graines infectés, laissant à la bactérie la possibilité de se multiplier sur la plantule. A l'inverse, ces gènes sont fortement induits durant la germination de graines inoculées issues de porte-graines sains.

Ces travaux démontrent que les graines ne sont pas les vecteurs passifs des bactéries pathogènes et que la bactérie phytopathogène Xcf interfère activement avec les défenses de la graine de haricot pour assurer efficacement sa transmission à la nouvelle génération de plantes, selon un modèle de type "cessez-le-feu".

Perspectives

Des expériences de génétique inverse seront menées pour identifier l'importance de certains gènes bactériens dans la transmission par la graine. L'étude de la réponse de la plante aux mutants les plus impactés devrait apporter des connaissances en vue d'améliorer la résistance des graines à la transmission. Ces approches devraient être transposables à d'autres bactéries transmises aux graines, notamment pour la lutte biologique.

Valorisation

Publication dans la revue internationale Plant Cell & Environment.

Publication : doi.org/10.1111/pce.15037

Mots clés : bactérie phytopathogène, semences, dual-transcriptomique, petits ARN, épigénétique, *Phaseolus vulgaris*

Cultiver des sols calcaires et faire face au changement climatique

Contact : Stéphane Mari
UMR IPSiM, Centre INRAE Occitanie-Montpellier

La revue publiée dans Trends In Plant Science par Bontpart *et al* fait le point sur les adaptations des plantes aux sols calcaires, avec un focus sur les bases génétiques des réponses cellulaires et moléculaires. Nous proposons des stratégies d'amélioration, en prenant en compte l'impact de facteurs environnementaux liés au changement climatique sur les propriétés physico-chimiques des sols calcaires, particulièrement riches en $CaCO_3$.

Contexte / enjeux

L'article de synthèse bibliographique a été rédigé dans le cadre du projet Etendard "CalClim" du Labex AGRO. L'objectif de ce projet, impliquant du personnel de 5 unités (IPSiM, LGDP, LEPSE, AGAP, Eco&Sols), était d'étudier les réponses des plantes (*Arabidopsis*, blé dur et *Medicago*) à des contraintes abiotiques multiples, en l'occurrence la croissance sur sol calcaire combinée à une élévation de la température.

Résultats

Le carbonate de calcium du sol ($CaCO_3$) affecte l'acquisition des nutriments par les plantes et, par conséquent, l'homéostasie minérale des plantes, ce qui entraîne une chlorose des parties aériennes et des pertes de rendement, pour les cultures inadaptées.
Différentes stratégies de tolérance ont été identifiées, notamment la régulation des flux de Ca et sa biominéralisation, ainsi que la sécrétion d'exsudats racinaires pour remobiliser les nutriments du sol non disponibles.
Des analyses génomiques intraspécifiques récentes ont révélé que les espèces sauvages détiennent un pool d'allèles, notamment pour les transporteurs d'ions, qui pourraient être exploités pour améliorer la tolérance des plantes aux sols calcaires.
Contrairement aux effets de la teneur en eau du sol, les effets de la température de l'air et du sol et de la concentration de CO_2 sur la performance des plantes dans un sol calcaire sont largement inconnus.
L'ingénierie métabolique chez *Arabidopsis thaliana* pour augmenter la biominéralisation du Ca est une stratégie intéressante pour améliorer la tolérance des plantes au $CaCO_3$ dans le contexte du changement climatique.

Perspectives

Le projet CalClim, sur lequel s'appuie cette revue, a permis de générer une quantité importante de données de phénotypage et d'expression de gènes, sur les trois espèces choisies (*Arabidopsis*, blé dur, *Medicago*). Les résultats obtenus sur les approches combinées de génétique d'association (GWAS) et de transcriptomique (RNAseq) sur un panel d'accessions d'*Arabidopsis*, avec validation génétique de 3 gènes candidats.

Publication : doi.org/10.1016/j.tplants.2024.03.013

Mots clés : nutrition minérale, hautes températures, stress, sols calcaires, fer, carbonate, bicarbonate, phosphate, nitrate

Identification des déterminants génétiques de la stabilité du rendement du colza oléagineux d'hiver

Contact : Anne Laperche
UMR IGEPP, Centre INRAE Bretagne-Normandie

La caractérisation fine d'un réseau d'essais multi-locaux et multi-annuels a permis d'identifier des régions génomiques contrôlant le rendement en graines chez le colza stables à l'échelle du réseau ou inversement spécifiques de conditions environnementales. En particulier, un locus n'est détecté que dans les environnements les plus limitants. Cette région montre une diversité génétique réduite dans les variétés modernes par comparaison aux colzas anciens.

Contexte / enjeux

Identifier les déterminants génétiques de la stabilité du rendement en grains chez le colza oléagineux d'hiver et appréhender leurs effets à l'aune des conditions environnementales.

Résultats

Définition d'envirotypes au sein de notre réseau multi-local et multi-annuel. Identification de loci stables et de loci interactifs.

Perspectives

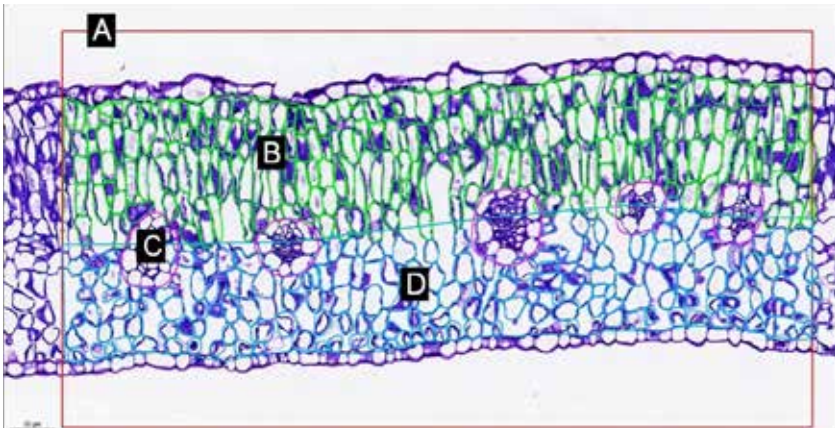
Exploitation de la diversité génétique pour augmenter l'adaptation à des conditions environnementales spécifiques.

Valorisation

Publication dans Theoretical and Applied Genetics ; communication orale au 16th International Rapeseed Congress, 24-27 septembre 2023, Sydney, Australie ; communication auprès des partenaires privés du projet RAPSODYN (PIA BT&BR 2012-2021).

Publication : doi.org/10.1007/s00122-024-04664-3

Mots clés : colza, rendement en grains, stabilité, analyses génétiques, réseau d'essais multi-environnements



Étude multidisciplinaire des réponses adaptatives du colza face à la sécheresse

Contact : Laurent Leport
UMR IGEPP, Centre INRAE Bretagne-Normandie

Ce travail interdisciplinaire combine relaxométrie RMN, microscopie, analyses multi-omiques et mesures hydriques pour étudier les mécanismes d'adaptation des feuilles de colza d'hiver à la sécheresse. Les résultats montrent une stratégie adaptative alliant ajustements structuraux et métaboliques, dépendant fortement du stade de développement. Ces travaux ouvrent des perspectives novatrices pour explorer la variabilité génétique des réponses adaptatives dans le genre *Brassica*.

Contexte / enjeux

L'augmentation de la fréquence et de l'intensité des sécheresses souligne la nécessité d'identifier de nouveaux leviers pour améliorer les performances des plantes face à ce stress. En ce sens, une meilleure compréhension des mécanismes permettant de conserver efficacement l'eau apparaît comme un axe clé pour répondre aux contraintes liées à la sécheresse des sols. Dans ce contexte, la relaxométrie par résonance magnétique nucléaire (RMN) s'est révélée particulièrement pertinente pour analyser, chez le colza, l'évolution du statut hydrique foliaire et de la structure du mésophylle au cours du développement, ainsi qu'en réponse à un stress azoté. Cette approche permet d'étudier ces dynamiques à différentes échelles (feuille, tissus, cellule) et repose sur un modèle d'attribution des composantes du signal de relaxation à des compartiments hydriques cellulaires et tissulaires, proposé dans des travaux antérieurs. En s'appuyant sur ce modèle, et grâce à la complémentarité avec des approches -omiques et microscopiques, les objectifs sont doubles : identifier les stratégies adaptatives cruciales pour la survie des plantes et affiner l'interprétation des variations du signal de relaxation RMN.

Résultats

Nous avons démontré que la réponse adaptative des plantes varie considérablement en fonction du stade de développement foliaire. Les jeunes feuilles combinent un ajustement osmotique avec des changements structuraux, optimisant leur survie en conditions de sécheresse et leur reprise après réhydratation. Chez les feuilles sénescentes, une déshydratation précoce et localisée du parenchyme spongieux a été observée, soutenant les hypothèses de la littérature sur le rôle d'un signal hydraulique dans le déclenchement des réponses adaptatives. Par ailleurs, nous avons montré que les variations du temps de relaxation transversale (T2) pouvaient être principalement attribuées à des modifications de la taille des compartiments hydriques, et de façon négligeable par l'ajustement osmotique. Une stratégie globale de préservation a été mise en évidence, favorisant les jeunes tissus nouvellement formés ainsi que les cellules du parenchyme palissadique, siège principal de la photosynthèse.

Perspectives

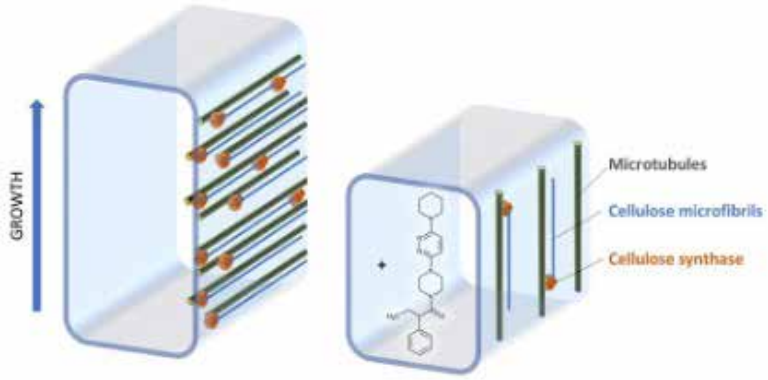
Ces résultats ouvrent de nouvelles voies pour explorer la variabilité génétique des réponses adaptatives à la sécheresse, à court et long termes, au sein du genre *Brassica*.

Valorisation

- Article de recherche (Boulc'h et al., 2024, Physiologia Plantarum).
- Data paper (Boulc'h et al., 2024, Data in Brief, DOI: 10.1016/j.dib.2024.111130).
- Communication sous forme de poster (3rd International Plant Spectroscopy Conference, IPSC 2022, 1er prix du poster décerné à Pierre-Nicolas Boulc'h).
- Communication orale (Plant Biology Europe, PBE 2023).

Publication : doi.org/10.1111/ppl.14454

Mots clés : physiologie végétale, changements climatiques, interdisciplinarité, stress hydrique, RMN, microscopie



Un nouvel inhibiteur de la synthèse de la cellulose affectant la sécrétion des complexes cellulose synthase et la dynamique des microtubules

Contact : Samantha Vernhettes
UMR IJPB, Centre INRAE IdF - Versailles-Saclay

Un nouvel inhibiteur de la synthèse de la cellulose a été identifié, agissant sur la sécrétion des complexes cellulose synthase, ainsi que sur la dynamique des microtubules. A des temps courts de traitement, son mode d'action est différent de celui des autres inhibiteurs de synthèse de cellulose décrits jusqu'à présent.

Contexte / enjeux

La synthèse de la cellulose est un mécanisme très complexe qui fait intervenir de nombreux acteurs. La cellulose est synthétisée à partir d'un complexe protéique qui se trouve au niveau de la membrane plasmique et qui est composée de sous-unités catalytiques de cellulose synthase. Outre l'analyse des mutants, l'utilisation de molécules permet également de mieux comprendre les mécanismes de synthèse de la cellulose et de l'assemblage des parois cellulaires. Il existe au moins 17 inhibiteurs distincts de la biosynthèse de la cellulose (CBI) de structures diverses et qui ont été étudiés plus ou moins en détail. Les plantes traitées avec des CBI reproduisent les phénotypes de mutants déficients en cellulose, tels que l'inhibition de la croissance. Plusieurs catégories de CBI existent en fonction de leurs modes d'action sur le complexe cellulose-synthase (CSC).

Résultats

Un nouvel CBI, nommé le P4B (2-phényl-1-[4-(6-(piperidin-1-yl)pyridazin-3-yl)piperazin-1-yl)butan-1-one), a été découvert suite à la réalisation d'un crible chimique afin d'identifier des molécules capables d'inhiber la croissance d'*Arabidopsis thaliana*. Un mutant affecté dans le gène codant la cellulose synthétase CESA3 est partiellement résistant au P4B. Les traitements à court terme avec du P4B n'affectent pas la vitesse des CSC mais entraînent une diminution de leur densité au niveau de la membrane plasmique sans modifier leur accumulation dans les compartiments CSC associés aux microtubules. Cette action du P4B est différente de celles des autres CBI. Ce phénomène a été observé dans le génotype sauvage mais pas chez le mutant. La densité réduite des CSC est corrélée à une diminution de la sécrétion des CSC à la membrane plasmique et à des changements de la dynamique et de l'orientation des microtubules corticaux. A des échelles de temps plus longues, les réponses aux traitements avec du P4B ressemblent à celles des autres CBI. Ces données suggèrent que le P4B cible directement CESA3 ou affecte une autre fonction cellulaire liée à la délivrance de la membrane plasmique des CSC et/ou à la dynamique des microtubules qui est contournée spécifiquement par des mutations cesa3.

Perspectives

Les CBI peuvent être utilisés comme outils pour perturber la synthèse de cellulose de manière ciblée. L'identification de nouveaux CBI renforce nos connaissances sur leurs structures et leurs modes d'action et nous aide donc à mieux comprendre comment lutter contre des mauvaises herbes. Les CBI sont particulièrement utilisés comme herbicides de pré-émergence dans les pelouses récréatives, les terrains de golf et les jardins. Des cribles de molécules naturelles pourront être mis en place pour sélectionner de nouveaux CBI.

Publication : doi.org/10.1093/plphys/kiae232

Mots clés : inhibiteur de la synthèse de la cellulose, paroi, microtubule

Un parachute génétique de secours permet de maintenir la forme de la feuille en réponse à des stress

Contact : Patrick Laufs
UMR IJPB, Centre INRAE IdF - Versailles-Saclay

Un nouveau mécanisme contribuant à la robustesse du développement des plantes suite à une perturbation épigénétique a été découvert. Ce mécanisme fait intervenir l'activation d'un microARN qui vient compenser les effets de la perturbation épigénétique et maintient un développement foliaire inchangé.

Contexte / enjeux

La robustesse est une propriété fondamentale des systèmes vivants. Elle leur permet, par exemple, d'accumuler des mutations sans impact sur le développement, tout en constituant un réservoir de diversité que l'évolution peut exploiter. Ainsi, comprendre les mécanismes sous-jacents à cette robustesse est un enjeu majeur dans l'étude du développement et de l'évolution.

Résultats

Chez toutes les espèces végétales, le gène CUC2 participe à la mise en place de la forme des feuilles. Chez la plante modèle *Arabidopsis thaliana*, ce gène permet la formation de petites dents qui ornent le bord des feuilles. Lorsque le gène est inactif, les bords des feuilles sont lisses, tandis qu'une activité élevée conduit à l'apparition de grands lobes. Ainsi, l'activité de ce gène doit être finement régulée. Lors de nos récents travaux nous avons montré qu'une perturbation épigénétique qui augmente la transcription de CUC2, n'entraîne pas une augmentation de sa protéine ni ne change la forme des feuilles. Ce paradoxe s'explique par l'activation d'un mécanisme compensatoire : en réponse à la perturbation épigénétique, un microARN inhibe l'excès d'ARNm produit, empêchant une surproduction de la protéine CUC2. Ce mécanisme agit comme un "parachute de secours génétique". De manière intéressante, nous avons également montré que ce parachute fonctionne sous différentes conditions environnementales, bien que sa taille (l'efficacité de la voie de secours) varie.
Ainsi nos travaux révèlent un nouveau mécanisme génétique contribuant à la robustesse du développement des plantes.

Perspectives

Plusieurs questions émergent de ce travail.
Ce mécanisme de compensation, activé par une perturbation épigénétique, peut-il être déclenché par d'autres types de perturbations ? Plus largement, joue-t-il un rôle dans la réponse développementale des plantes aux changements environnementaux ? En outre, ce mécanisme de compensation, mis en évidence pour le gène CUC2, existe-t-il également pour d'autres gènes ?

Publication : doi.org/10.1093/plcell/koae260

Mots clés : robustesse du développement, régulation génétique, épigénétique, microARN, phenotypage quantitatif,

La fonction isochorismate synthase ICS1 impliquée dans la synthèse d'acide salicylique est nécessaire pour faire face aux carences en soufre chez *Arabidopsis thaliana*

Contact : Céline Masclaux-Daubresse
UMR IJPB, Centre INRAE IdF - Versailles-Saclay

Les mutants sid2 incapables de synthétiser l'acide salicylique présentent un défaut d'absorption du SO_4^{2-}, ainsi qu'une suraccumulation de composés de défense soufrés (glutathion), expliquant leur hypersensibilité à la carence en SO_4^{2-}.

Contexte / enjeux

L'efficacité de l'utilisation des minéraux est très importante pour la croissance des plantes, en particulier lorsque l'apport en engrais est limité. La diminution des émissions industrielles de dioxyde de soufre (SO2) au cours des dernières décennies entraîne une réduction de la teneur en sulfates dans les sols. Cette diminution des ressources en soufre pour la plante est corrélée à une baisse de rendement et de la qualité des semences. Ainsi l'effet de la limitation en soufre sur la physiologie des plantes est de plus en plus étudié afin d'identifier les mécanismes physiologiques qui permettraient d'augment l'efficacité d'utilisation du souffre et d'absorption des sulfates chez les plantes.

Résultats

Dans cette étude, nous avons examiné les phénotypes de mutant *sid2* déficients dans la synthèse d'acide salicylique en situation de carence en nitrate, en sulfate ou en condition d'apport pléthorique. Alors que les mutants *sid2* présentent de meilleures performances en condition pléthorique comme en conditions de carence en nitrate, ils sont hypersensibles à la carence en sulfate et présentent des signes de sénescence précoce attestés par une série de marqueurs moléculaires. Les données transcriptomiques, protéomiques et métabolomiques ont révélé dans les mutants une perturbation des métabolismes du soufre, des acides aminés et des lipides, cohérente avec les faibles teneurs en soufre dans ces plantes. Le marquage isotopique a permis de montrer une moins bonne absorption racinaire du soufre chez les mutants *sid2* et une plus faible expression de certains transporteurs de sulfate au niveau racinaire.

En résumé, les mutants *sid2* incapables de synthétiser l'acide salicylique présentent un défaut d'absorption du SO_4^{2-} et une suraccumulation de composés de défense soufrés (glutathion), expliquant leur hypersensibilité à la carence en SO_4^{2-}.

Perspectives

Les solutions techniques permettant d'améliorer l'efficacité d'utilisation du soufre restent très limitées. L'utilisation en traitement des cultures d'analogues naturels ou synthétisés de l'acide salicylique semblent faciliter l'absorption et l'assimilation des nutriments minéraux dont le soufre. Ici, Luo et al. (2024) démontrent le lien entre synthèse d'acide salicylique et absorption racinaire du sulfate et l'importance du gène ICS1 dans la tolérance d'*Arabidopsis* à la carence en sulfate.
Une perspective de ce travail est d'explorer des modifications des voies de biosynthèse de l'acide salicylique, d'améliorer la connaissance de leurs effets sur le compromis (trade-off) entre défense et performance (croissance/longévité), ainsi que sur la nutrition des plantes. Ces connaissances pourraient permettre de développer des stratégies innovantes visant à améliorer l'efficacité d'utilisation du soufre dans des conditions de faible apport en intrants.

Publication : doi.org/10.1111/tpj.16702

Mots clés : nutrition, stress abiotique, acide salicylique, multi-omics

Les normes de réaction du blé entre monoculture et mélange variétal sont causées par la plasticité du tallage et l'évitement de l'ombrage

Contact : Timothée Flutre
UMR GQE-Le Moulon, Centre INRAE IdF - Versailles-Saclay

La variabilité du rendement des mélanges de blé relativement à la moyenne des variétés les composant est principalement expliquée par la plasticité du nombre d'épis. Celle-ci est elle-même due à la perception précoce de signaux de qualité de lumière influant sur la dynamique de tallage. Comprendre les stratégies des variétés de blé selon le type d'interaction plante-plante contribue ainsi à une meilleure sélection pour leur aptitude au mélange.

Contexte / enjeux

La pratique de diversification qui consiste à cultiver plusieurs variétés dans la même parcelle atteint en France près de 20 % de la superficie de blé semée. Ces mélanges variétaux sont connus pour freiner les épidémies de maladies fongiques foliaires. En cas de forte pression de maladies, cela contribue à ce que le rendement d'un mélange soit, en moyenne, supérieur de 5-6 % à la moyenne des variétés les composant. Cet avantage est également présent, bien que réduit (2-3%), en l'absence de maladie. Mais dans les deux cas, avec ou sans maladie, le rendement des mélanges relativement à la moyenne des variétés les composant varient de +-20 %. Cette variabilité correspond à la plasticité phénotypique causée par les interactions plante-plante entre variétés au sein du même peuplement. Afin d'éviter que le résultat net des interactions soit dominé par de la compétition et, au contraire, favoriser les cas de complémentarité voire de facilitation au sein des mélanges, il est nécessaire de comprendre l'origine de cette variabilité.

Résultats

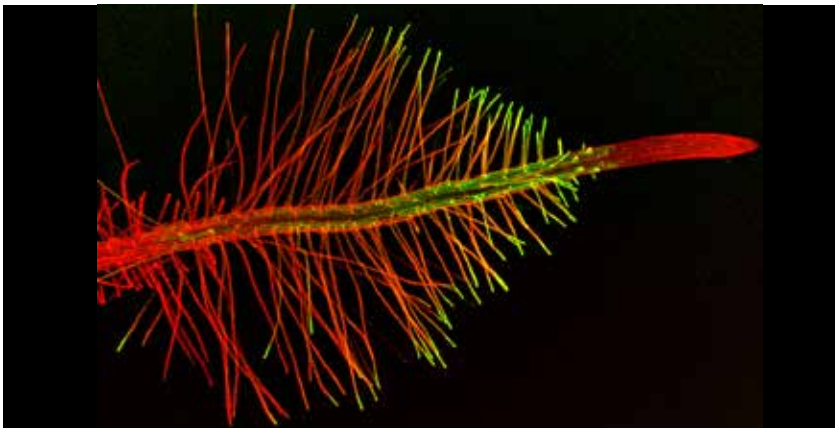
A l'occasion de la thèse de M. Gawinowski et grâce à un financement Starter du BAP, nous avons mis en place une expérimentation unique de suivi individuel de plantes en monoculture et en mélange dans des conditions agronomiques réalistes. Au total, la croissance et le développement d'environ 7500 plantes, issues de huit variétés contrastées pour leur précocité et leur hauteur à maturité, ont été caractérisés du semis à la récolte dans un essai répliqué deux années dans une parcelle d'expérimentation de l'unité GQE – Le Moulon. Nous avons également développé une nouvelle méthodologie pour décomposer, non pas le rendement, mais sa plasticité entre monoculture et mélange, en fonction de celle de chacune de ses composantes. Ceci nous a permis de montrer que la plasticité du rendement par plante était principalement due à la plasticité du nombre d'épis par plante, cette dernière étant elle-même causée par les plasticités d'émission et de régression des talles avant la floraison. La plasticité des variétés en terme de détection précoce de la présence d'éventuels compétiteurs dans leur voisinage est ainsi un aspect majeur de leur stratégie de développement en mélange, illustré ici avec la dynamique de tallage. Nous avons aussi démontré que la plasticité du nombre maximal de talles émises était significativement associée, les deux années, au différentiel de hauteur entre variétés dans le mélange au cours de la phase de leur développe-ment correspondant justement à l'émission des talles. C'est donc l'interaction entre hauteur et précocité qui influe le plus sur le résultat des interactions au sein du mélange, et non la seule hauteur finale. De plus, nos résultats ont également montré que, comme pour la dynamique de hauteur, la dynamique de tallage présente une plasticité typique du syndrome d'évitement de l'ombrage.

Perspectives

Ces résultats illustrent l'importance de considérer les interactions plante-plante non seulement sous l'angle trophique c'est-à-dire de compétition pour les ressources, comme ici la quantité de lumière, mais aussi sous l'angle de la signalisation, ici la qualité de lumière. Le ratio rouge clair – rouge sombre est en effet connu pour être détecté précocement par les plantes et réguler ainsi la dynamique de tallage. Motivé par ces nouveaux résultats, M. Gawinowki a commencé à développer un modèle dynamique en 3D simulant la croissance et le développement de plantes individuelles de blé au sein de peuplements hétérogènes comme des mélanges variétaux, et tenant compte des deux types d'interactions pour et via la lumière. Un tel outil permettra d'explorer l'assemblage des mélanges, d'étudier leur évolution au cours de cycle de semis – resemis, et d'optimiser les dispositifs de sélection des variétés pour leur aptitude au mélange.

Publication : doi.org/10.1016/j.fcr.2024.109368

Mots clés : interactions plante-plante, plasticité, mélanges variétaux



Rôle structurel et de signalisation dans l'assemblage de la paroi cellulaire des poils racinaires du facteur d'alcalinisation rapide 22

Contact : Herman Höfte
UMR IJPB, Centre INRAE IdF - Versailles-Saclay

Dans les poils racinaires, la formation d'une paroi cellulaire résistante mais extensible est guidée par l'interaction entre des polysaccharides chargés de la paroi cellulaire et un complexe protéine-peptide. Le même peptide recrute également un complexe de récepteurs de la membrane plasmique exerçant un retrocontrôle sur le processus d'assemblage de la paroi cellulaire.

Contexte / enjeux

Les plantes ont l'extraordinaire capacité d'utiliser l'énergie solaire pour convertir le CO2 atmosphérique en sucres. Ces sucres constituent une source d'énergie et de matériaux de construction presque inépuisable sous forme de polysaccharides (de longues chaînes de sucres). A l'aide de ces polysaccharides, les plantes construisent un rempart autour de chaque cellule : la paroi.

Cette paroi sert à la fois de barrière protectrice et de support du squelette sous pression. Ce dernier confère de la rigidité aux organes de la plante, à l'image d'un matelas gonflable. En effet, la paroi est si robuste qu'elle peut résister à des pressions considérables à l'intérieur de la cellule, atteignant jusqu'à 10 fois la pression de notre atmosphère. Curieusement, la présence de cette paroi n'empêche pas l'agrandissement des cellules lors de la croissance de la plante.

Une question se pose alors : comment cette paroi peut-elle croître sans perdre son intégrité, ce qui entraînerait l'explosion de la cellule ? Pour comprendre ce mécanisme, les scientifiques ont analysé en détail le processus d'assemblage de cette paroi.

Résultats

Le consortium de scientifiques a précédemment utilisé les tubes polliniques pour mettre en évidence comment un complexe pectine-protéine-RALF pilote l'assemblage de la paroi cellulaire (FM BAP 2023). Dans l'étude actuelle, il s'agit d'observer une autre structure cellulaire : le poil racinaire de la plante modèle *Arabidopsis thaliana*. Ils montrent qu'un autre membre de la famille RALF (RALF22) dirige également la liaison de son partenaire protéique (LRX1/2) à la pectine. Cela conduit à la formation d'un réseau dense de protéines et de pectines qui fait partie du squelette de la paroi cellulaire, à la fois résistant et extensible. Ils révèlent également un mécanisme de régulation élégant dans lequel le même peptide RALF22, lorsqu'il n'est pas lié à la paroi cellulaire, recrute le complexe récepteur kinase lié à la membrane plasmique LLG1-RALF22-FER, ce dernier exerçant un rétrocontrôle sur le processus d'assemblage de la paroi cellulaire.

Perspectives

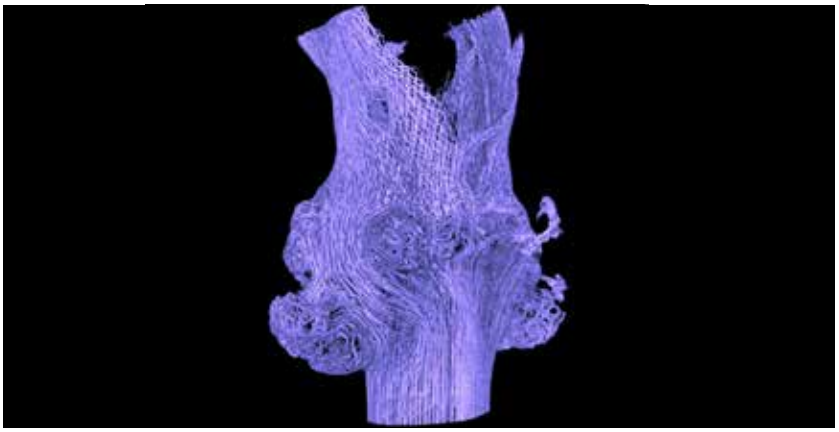
Ces observations soulignent l'importance, jusqu'à présent sous-estimée, des interactions entre protéines et polysaccharides dans l'assemblage de la paroi cellulaire. De futures études porteront sur l'identification des motifs polysaccharidiques ciblés par différents peptides RALF. Par ailleurs, ces études aborderont la dynamique de la formation du complexe LLG-RALF-FER, la nature des changements dans les propriétés de la paroi cellulaire induits par l'interaction RALF-LRX-pectine à laquelle ce complexe répond, ainsi que la nature des réponses adaptatives déclenchées par ce complexe.

Valorisation

Ces résultats offrent de nouvelles perspectives sur le processus de croissance des cellules végétales, pouvant être utilisées pour améliorer la modélisation prédictive de la croissance des plantes en réponse aux changements des environnements abiotiques et biotiques. Une meilleure compréhension de la nature des interactions pectine-protéine pourrait également inspirer l'élaboration de nouveaux nanomatériaux. Ces aspects seront explorés dans le cadre du nouveau projet financé par le FNS-ANR, "Wallscape".

Publication : doi.org/10.1038/s41477-024-01637-8

Mots clés : paroi cellulaire végétale, expansion cellulaire, pectines, Rapid Alkalinisation Factor



Phénotypage des connexions du xylème dans les plantes greffées à l'aide de la tomographie à rayons X

Contact : Sarah Cookson
UMR EGFV, Centre INRAE Nouvelle-Aquitaine Bordeaux

Les greffes de plantes peuvent se faire naturellement ou par l'intervention humaine. La greffe nécessite la formation de connexions vasculaires entre deux plantes différentes. Dans cette publication, nous présentons une nouvelle méthode pour visualiser les connexions des structures xylémiennes sur un grand nombre de plantes.

Contexte / enjeux

Le greffage est largement utilisé en horticulture. Il utilise la capacité naturelle des plantes à cicatriser des blessures et à souder leurs troncs, leurs branches et leurs racines. Le phénotypage de l'interface greffon/porte-greffe est un défi en raison de la taille et de l'hétérogénéité des tissus. L'analyse de cette interface dans un plan bidimensionnel (2D) ne permet pas de capturer avec précision sa structure tridimensionnelle (3D). Bien que des études histologiques (utilisant la microscopie optique, confocale et électronique) aient fourni des images détaillées de zones spécifiques de l'interface du greffon/porte-greffe d'un large éventail d'espèces, la caractérisation et la quantification des changements se produisant pendent la formation d'une greffe constituent un défi.

Résultats

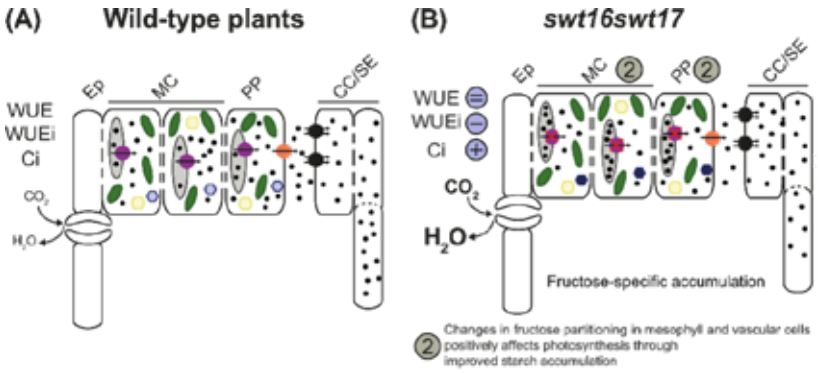
Nous présentons une méthode basée sur l'utilisation de la micro tomographie à rayons X pour caractériser la morphologie 3D des greffes de vigne. La principale nouveauté de cette méthodologie est qu'elle nous a permis de visualiser le réseau 3D de vaisseaux de xylème fonctionnels reliant le greffon et le porte-greffe dans les greffes grâce à l'ajout d'un agent de contraste dans les racines et à l'amélioration des pipelines d'analyse d'images. En outre, nous avons révélé la présence de connexions diagonales étendues entre les principaux vaisseaux axiaux du xylème dans des rameaux de vigne âgées de deux ans.

Perspectives

Actuellement nous utilisons cette technique pour étudier la cinétique de la formation des vaisseaux du xylème 1.) entre le greffon et le porte-greffe au cours du temps, et 2.) entre le système vasculaire d'un rameau et le bourgeon pendant la période précédant le débourrement au printemps. Nous prévoyons d'utiliser cette méthode pour caractériser les vaisseaux de xylème formés dans le contexte de combinaisons greffon/porte-greffe avec différents niveaux de compatibilité.

Publication : doi.org/10.1111/pce.14883

Mots clés : imagerie 3D, greffage, vigne, micro-CT, greffon, porte-greffe



La gestion intracellulaire du fructose comme outil d'amélioration des performances photosynthétiques des plantes

Contact : Rozenne Le Hir
UMR IJPB, Centre INRAE IdF - Versailles-Saclay

Notre étude révèle qu'une meilleure séquestration du fructose dans la vacuole, grâce à un transporteur SWEET, améliore les performances photosynthétiques. Ces travaux soulignent l'importance de la répartition des sucres pour renforcer la résistance des plantes à la sécheresse et maintenir leur productivité.

Contexte / enjeux

La fixation et l'allocation des sucres au sein de la plante sont essentielles à l'adaptation de la plante à son environnement et à son développement. La régulation fine des échanges intercellulaires et intracellulaires pour les sucres est également à la base de la mise en place des réserves et de la capacité de production de la biomasse sous forme de composés solubles (saccharose, mannitol etc.) et des formes séquestrées comme les polysaccharides pariétaux. L'étude des mécanismes impliqués dans ces échanges est donc indispensable afin de proposer de nouvelles pistes pour assurer le maintien de la productivité végétale dans le contexte du changement climatique.

Résultats

Les transporteurs de sucres de type SWEET sont des acteurs essentiels intervenant dans le développement des plantes et leur réponse de la plante aux contraintes biotiques et abiotiques. Notre étude montre que le contrôle de la disponibilité en fructose dans le cytosol, par les transporteurs SWEET16 et SWEET17, impacte positivement les performances photosynthétiques de la plante et sa réponse à la sécheresse. Par ailleurs, nos travaux proposent qu'une augmentation des sucres dans le cytosol des cellules du mésophylle et de parenchyme phloémien, via les transporteurs SWEET11 et SWEET12, impactent négativement l'efficacité de fermeture des stomates conduisant à une plus forte sensibilité à la sécheresse.

Perspectives

Ce travail ouvre la voie pour approfondir l'étude de la signalisation par le fructose, domaine très largement inexploré jusqu'ici, afin de maintenir l'activité photosynthétique des plantes en conditions de contraintes environnementales. Il illustre également la complexité des processus intervenant dans la production efficace de biomasse tout en préservant une croissance optimale et un bon niveau de tolérance aux stress. Ces travaux permettent aussi d'envisager de nouvelles stratégies pour approfondir les mécanismes d'adaptation de la plante aux contraintes de l'environnement.

Publication : doi.org/10.1111/ppl.14623

Mots clés : transporteurs de sucres SWEET, photosynthèse, sécheresse, vacuole

Utilisation de méthodes de prédiction génomique ou phénomique pour identifier des allèles à effet faible et favorables pour la germination chez le colza

Contact : Nathalie Nesi
UMR IGEPP, Centre INRAE Bretagne-Normandie

La prédiction phénomique appliquée à une large game de diversité génétique peut prédire efficacement la germination des graines de colza, capturer les allèles favorables à faible effet qui ne sont pas révélés par les études d'association à l'échelle du génome et identifier des ressources génétiques prometteuses pour une utilisation en pre-breeding.

Contexte / enjeux

Identifier les déterminants génétiques qui contrôlent la germination chez le colza.

Résultats

Utilisation d'une combinaison de méthodes génétiques basées sur des prédicteurs moléculaires, phénotypiques et spectraux. Possibilité de prédire efficacement la germination des graines de colza, de capturer les allèles favorables à faible effet qui ne sont pas révélés par les études d'association à l'échelle du génome et d'identifier des ressources génétiques prometteuses.

Perspectives

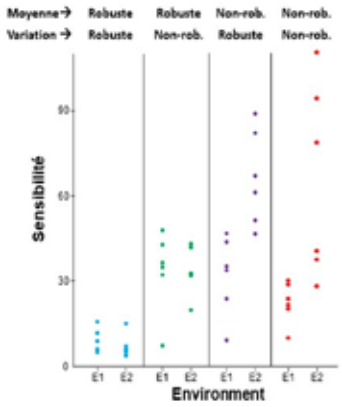
Exploitation de la diversité génétique pour améliorer les traits de germination et donc l'implantation du colza.

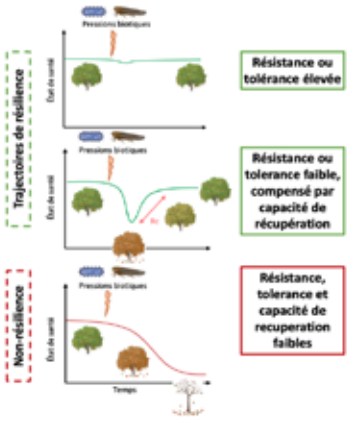
Valorisation

Publication dans Theoretical and Applied Genetics ; communication orale au 16th International Rapeseed Congress, 24t-27 Septembre 2023, Sydney, Australie ; communication auprès des partenaires privés dans le cadre des Carrefours Colza (2022, 2023, 2024

Publication : doi.org/10.1007/s00122-024-04659-0

Mots clés : germination, Colza, données spectrales, prédiction génomique et phénomique, analyses génétiques





Robustesse et résilience face au dérèglement climatique et aux défis sanitaires, les nouveaux traits à cibler en sélection variétale

Contacts : Véronique Lefebvre et Morgane Roth
UR GAFL, Centre INRAE Provence-Alpes-Côte d'Azur

Face aux défis sanitaires et climatiques actuels et futurs, les chercheurs proposent de cibler des estimateurs de robustesse et de résilience pour améliorer la capacité d'adaptation et de récupération des plantes soumises à des stress biotiques et abiotiques. En considérant ces estimateurs héritables, discriminants et complémentaires, il devient possible de développer des variétés, répondant mieux au dérèglement climatique et aux enjeux de durabilité de l'immunité.

Contexte / enjeux

Jusqu'à récemment, les recherches sur l'immunité se concentraient essentiellement sur la réponse à un stress, à un instant et dans un environnement. Cependant, les variations environnementales, accentuées par le changement climatique, compromettent cette immunité. Il devient donc urgent d'identifier des leviers génétiques capables d'accroître la robustesse et la résilience face à des environnements changeants. La robustesse de l'immunité désigne la capacité d'une plante à maintenir une réponse stable malgré les variations environnementales. La résilience, quant à elle, fait référence à la capacité de la plante à rétablir son immunité après une perturbation, atteignant un état intermédiaire entre un état perturbé et un état pleinement adapté. Étudier ce rétablissement est particulièrement pertinent pour les cultures pérennes, tandis que la robustesse convient mieux aux cultures annuelles.

Résultats

L'unité GAFL a appliqué ces concepts à une espèce annuelle, le piment, et deux espèces pérennes, l'abricotier et le pêcher. Les chercheurs ont proposé des estimateurs de robustesse et de résilience phénotypiques dans des environnements changeants. Chez le piment, ces estimateurs sont basés sur la sensibilité moyenne et sur la variation de sensibilité intra-accession évaluées sous différentes températures. Ils ont montré qu'une hausse de 6°C réduit l'immunité à *Phytophthora capsici* mais augmente celle au Potato virus Y, réfutant l'hypothèse que la robustesse d'immunité est liée à la tolérance de l'hôte aux hautes températures. Chez les Prunus, des relevés cinétiques des sensibilités et des mesures écophysiologiques ou numériques en multi-environnements ont été analysés par associations pan-génomiques en incluant les interactions GxE. Ces travaux ont permis de définir plusieurs estimateurs quantitatifs de robustesse, héritables, complémentaires, et discriminants et montrent que le niveau de robustesse varie selon les accessions et est spécifique vis-à-vis de chaque parasite. Concernant les Prunus, la vigueur de l'arbre est primordiale pour sa résilience et les composantes de résilience principales varient selon les environnements.

Perspectives

Ces travaux offrent un cadre conceptuel pour prendre en compte la robustesse et la résilience de l'immunité aux variations environnementales, afin de sélectionner des variétés durablement adaptées aux variations climatiques et sanitaires. En outre, ils ont identifié des ressources génétiques associant fortes immunités et fortes robustesses ou résiliences, réduisant la dépendance aux pesticides.

Publications : doi.org/10.1093/jxb/erae150
doi.org/10.1093/hr/uhae239, doi.org/10.1101/2024.10.15.618428

Mots clés : robustesse, canalisation, résilience, récupération, immunité, bioagresseurs, stress abiotique, piment, Prunus

Exploitation d'un panel de géniteurs améliorés de pomme de terre pour identifier par génétique d'association des QTL de résistance au mildiou et aux nématodes à kyste

Contact : Florence Esnault et Marie-Claire Kerlan
UMR IGEPP, Centre INRAE Bretagne-Normandie

Des analyses de génétique d'association génome complet ont été menées sur un panel de géniteurs améliorés de pomme de terre. Elles ont conduit à l'identification de quatre régions associées à la résistance au nématode à kyste *Globodera pallida*, et quatre régions associées à la résistance au mildiou. Cette étude a montré l'intérêt de combiner les gènes/QTL pour obtenir des variétés multi-résistantes potentiellement durables.

Contexte / enjeux

La culture de pomme de terre se place au 4ème rang mondial des cultures vivrières. Elle est confrontée à de multiples pathogènes, parmi lesquels le mildiou contrôlé par des quantités élevées d'intrants phytosanitaires, et les nématodes à kyste pour lesquels les moyens de lutte sont de plus en plus limités. Dans le contexte d'une agriculture souhaitée sans pesticides, la résistance génétique est un levier nécessaire de protection des plantes contre ces pathogènes. Diversifier les sources de résistance et exploiter les résistances quantitatives sont des stratégies de recherche majeures pour construire des résistances durables. Ce travail s'est inscrit dans le cadre d'une thèse CIFRE financée par l'ACVNPT (Association des Créateurs de Variétés Nouvelles de Pomme de terre) et a consisté à mettre en œuvre une stratégie de génétique d'association sur un panel de géniteurs améliorés INRAE afin d'identifier des facteurs génétiques et marqueurs moléculaires associés à la résistance à ces deux pathogènes majeurs de la pomme de terre.

Résultats

Ce travail a permis de :
- Développer un set de 27148 SNPs issus de la puce SolCAP ou de la technologie GBS (génotypage par séquençage) qui est mis à la disposition de la communauté scientifique par la publication d'un data paper
- Identifier notamment quatre régions génomiques impliquées dans la résistance à *G. pallida* (cartographiées sur les chromosomes V, IX et XI) et quatre dans la résistance au mildiou (cartographiées sur les chromosomes IX, V, IV et XI) . Des haplotypes de marqueurs permettant de tracer les allèles de résistance ont été définis pour les régions qui présentent les effets les plus forts. La plupart de ces régions étaient déjà connues pour porter des gènes/QTL de résistance à ces deux pathogènes mais une cartographie plus fine de ces facteurs de résistance a été obtenue et des marqueurs ayant un meilleur pouvoir diagnostique définis.
- Montrer l'effet bénéfique de la combinaison de ces gènes/QTL pour augmenter les niveaux de résistance à chacun des pathosystèmes et la possibilité de cumuler ces facteurs génétiques dans un objectif de création de variétés présentant une multi-résistance durable.

Perspectives

Les perspectives de ce travail sont d'améliorer encore la résolution de cartographie des QTL identifiés afin d'identifier les gènes sous-jacents à ces facteurs de résistance et d'évaluer la durabilité des résistances identifiées en les confrontant notamment à une diversité de populations des pathogènes ciblés.

Valorisation

Ce travail a déjà fait l'objet d'un premier article publié dans la catégorie Data Report du journal international à comité de lecture Frontiers in Plant Science et d'un deuxième article qui sera publié prochainement dans la catégorie Original Research du journal international à comité de lecture Theoretical and Applied Genetics. Il est prévu de rédiger un troisième article dans la catégorie Original Research d'un journal international à comité de lecture à définir.
Ce travail a également permis de définir des marqueurs diagnostiques de type PACE. Ces marqueurs ont été mis à disposition des financeurs de la thèse.

Publication : doi.org/10.3389/fpls.2024.1384401

Mots clés : pomme de terre, SNPs, GWAS, résistance génétique, stress biotiques, multi-résistance durable

Des épimutations naturelles et induites, dont les effets peuvent être modulés par les conditions environnementales, contrôlent la résistance quantitative à la hernie des crucifères chez *Arabidopsis thaliana*

Contact : Mélanie Jubault
UMR IGEPP, Centre INRAE Bretagne-Normandie

Une épimutation naturelle et des épimutations induites contrôlant la résistance quantitative à la hernie des crucifères ont été identifiées chez *Arabidopsis*. L'étude a révélé que deux gènes NLR voisins AT5G47260 et AT5G47280 coopèrent dans le contrôle de la résistance partielle quantitative à large spectre à la hernie et qu'ils sont épigénétiquement régulés. 31 régions contrôlées par des épimutations (QTLépi) impliquées dans la réponse à la hernie ont été également identifiées.

Contexte / enjeux

La variation continue observée pour les caractères complexes, et plus particulièrement pour la réponse aux stress biotiques, est traditionnellement attribuée à l'action de nombreux variants dans la séquence d'ADN et à leur interaction avec des facteurs environnementaux. Cependant, la ségrégation à l'échelle du génome de multiples épiallèles, héritables, pourrait également contribuer aux caractères quantitatifs. La hernie des crucifères causée par le protiste tellurique *Plasmodiophora brassicae* est une maladie majeure des *Brassicaceae*, y compris les trois espèces de Brassica les plus importantes sur le plan économique : *Brassica napus, B. rapa, B. oleracea* et la plante modèle *Arabidopsis thaliana*. Des résistances qualitatives (gènes majeurs) et quantitatives (QTL) à la hernie ont été identifiées et étudiées chez différentes *Brassicaceae*.

Résultats

Nous avons identifié une épimutation naturelle contrôlant un QTL d'effet modéré impliqué dans la résistance à la hernie chez *Arabidopsis*. En combinant des approches de cartographie fine de QTL, de validation par CRISPR-Cas9 et d'analyses des séquences d'ADN et des profils de méthylation l'ADN de plus de 250 accessions, nous avons révélé que deux gènes NLR (nucléotide-binding and leucine-rich repeat) voisins AT5G47260 et AT5G47280 coopèrent dans le contrôle de la résistance partielle quantitative à large spectre à l'agent pathogène racinaire *P. brassicae* chez *Arabidopsis* et qu'ils sont épigénétiquement régulés. La variation de la méthylation de l'ADN n'est associée à aucune variation de nucléotide ou de présence/absence d'éléments transposables et est héritée de manière stable. Les variations de la méthylation de l'ADN au niveau du QTL Pb-At5.2 sont largement répandues parmi les accessions d'*Arabidopsis* et présentent une corrélation significativement négative avec les variations de l'expression des deux gènes.
Pour déterminer dans quelle mesure les épimutations pourraient être utilisées comme source de diversité dans la résistance à la hernie des crucifères et comment elles peuvent être influencées par les conditions environnementales, la population epiRIL, issue du croisement entre le mutant d'*Arabidopsis* ddm1-2 et Col-0 (partiellement résistante et sensible à la hernie des crucifères, respectivement) et présentant une variation épigénétique importante mais une variation limitée de la séquence d'ADN, a été phénotypée pour sa réponse à *P. brassicae* dans quatre conditions abiotiques : des conditions classiques de culture, une augmentation de la température de 5°C, une sécheresse et une inondation. Les contraintes abiotiques testées ont eu un impact significatif à la fois sur la croissance foliaire de la population epiRIL et sur le résultat de l'interaction entre les lignées epiRIL et l'agent pathogène. L'analyse de liaison a conduit à la détection d'un total de 31 QTLepi, dont 18 étaient spécifiques à une condition abiotique et 13 communs à au moins deux environnements.

Perspectives

Ces résultats révèlent l'implication des épimutations naturelles et induites dans la réponse des plantes à l'infection par la hernie des crucifères et l'impact des conditions environnementales sur le contrôle épigénétique de la croissance des plantes et des réponses immunitaires. Ce travail nous apporte ainsi de nouveaux éléments sur l'utilisation potentielle de la variabilité épigénétique dans la construction de variétés résistantes aux maladies et plastiques face au dérèglement climatique.

Publication : doi.org/10.1016/j.xplc.2024.100824 et doi.org/10.3389/fpls.2024.1245545

Mots clés : épigénétique, méthylation, stress biotiques, contraintes abiotiques

Communiqués de presse

Retour vers le futur : la canicule extrême de 2019 n'a pas eu raison de tous les cépages

Les épisodes caniculaires s'intensifient en France, ce qui nécessite d'adapter nos cultures. Une nouvelle étude dévoile des régions du génome impliquées dans la tolérance aux températures extrêmes chez la vigne – grâce à une expérimentation valorisant l'épisode caniculaire exceptionnel de juin 2019.

Contact : Florent Pantin
UMR IRHS, Centre INRAE Pays de la Loire
UMR LEPSE, Centre INRAE Occitanie-Montpellier

Lire le communiqué >>>

46,0 °C à l'ombre. C'est la plus haute température jamais enregistrée en France, le 28 juin 2019 à Vérargues dans l'Hérault. Ces conditions ont permis d'évaluer "grandeur nature" comment la diversité des cépages de vigne répond aux températures extrêmes. Tous les cépages n'ont pas subi le même sort : certains ont manifesté des dégâts très sévères alors que d'autres sont sortis indemnes de l'épisode caniculaire. Devant ce constat, les scientifiques ont développé une approche de "génétique d'association" : en croisant les mesures de symptômes avec les informations disponibles sur la diversité des cépages et de leur génotype, ils ont identifié les parties du génome impliquées dans les réponses mesurées. Six régions du génome ont ainsi été mises en évidence dans les réponses au stress thermique. Dans ces régions, des groupes de gènes ont été identifiés.

Cartographie mondiale de l'évolution des régions viticoles face au changement climatique

Les résultats montrent qu'environ 90 % des régions viticoles côtières et de basse altitude du sud de l'Europe et de la Californie risquent de perdre leur aptitude à produire du vin de qualité à des rendements économiquement soutenables d'ici la fin du siècle si le réchauffement global dépasse +2 °C. En revanche d'autres régions pourraient ressortir gagnantes avec une amélioration de leur potentiel viticole, comme le nord de la France ou la Colombie-Britannique (Canada). Avec la hausse des températures, de nouvelles régions de production pourraient également se développer, jusqu'au Danemark.

Lire le communiqué >>>

En se basant sur leur expertise et l'analyse approfondie de la littérature scientifique, les scientifiques dressent une cartographie mondiale de l'évolution du risque et du potentiel des régions viticoles actuelles et nouvelles face au changement climatique. Pour cela ils ont analysé les conséquences de l'évolution des températures, des précipitations, de l'humidité, du rayonnement et de la teneur en CO_2 sur la culture de la vigne et examinent les stratégies d'adaptation possibles. Cette étude confirme la plus grande vulnérabilité en matière de qualité des vins produits dans les vignobles historiques face au changement climatique. Elle confirme aussi le seuil clef de 2 °C de réchauffement global du climat, au-delà duquel des modifications majeures sont envisagées pour ce secteur à l'échelle mondiale.

Contact : Nathalie Ollat
UMR EGFV, Centre INRAE Nouvelle-Aquitaine Bordeaux

Partenariat entre le château de Compiègne et le centre INRAE de Corse

Un partenariat qui permettra l'échange de connaissances scientifiques sur les agrumes et la mise en place d'expérimentations dans le cadre de l'adaptation au changement climatique.

Lire le communiqué >>>

Le centre INRAE de Corse héberge l'une des plus belles collections d'agrumes au monde. Elle est certifiée Centre de Ressources Biologiques (CRB) ISO9001 et comprend plus de 1 100 variétés. Outre ses échanges scientifiques, le partenariat prévoit aussi des actions de médiation scientifique et culturelle au château, comme la mise en place d'exposition ou des conférences données par des scientifiques d'INRAE-Cirad.

Contact : Claire Billot
Unité AGAP-Corse, Centre INRAE Corse

Faits marquants 2024

GOS 3

Identifier, comprendre et mobiliser les fonctions et les traits des plantes à la base des services pour la santé humaine/animale et environnementale

- Axe 3.1 - Comprendre et améliorer le métabolisme pour la qualité des produits
- Axe 3.2 - Comprendre la photosynthèse ; identifier les fonctionnalités des plantes pour la production de bioénergies et améliorer le stockage de carbone (atténuation du changement climatique)
- Axe 3.3 - Comprendre et améliorer les interactions plantes-organismes associés pour maintenir la fertilité/qualité des sols et la biodiversité dans les agroécosystèmes

Bases génétiques des interactions plante-microbiotes

Contacts : Christophe Mougel, Anouk Zancarini & Christine Le Signor
UMR IGEPP, Centre INRAE Bretagne-Normandie
UMR Agroécologie, Centre INRAE Bourgogne-Franche-Comté

Une approche multidisciplinaire combinant génétique, écophysiologie et écologie microbienne a été conduite sur une collection d'écotypes de *M. truncatula*. Des gènes de plantes associés à l'occurrence de bactéries centrales dans les réseaux de cooccurences microbiennes ou qui prédisent certains traits phénotypiques de plante, ont pu être identifiés. Ces résultats ouvrent des perspectives vers le pilotage du microbiote des plantes pour améliorer la croissance, la nutrition et la santé des plantes.

Contexte / enjeux

Les interactions plante-microbiotes constituent un des leviers de la transition agroécologique visant à limiter l'utilisation d'intrants de synthèse en agriculture. Les microbiotes associés aux plantes contribuent à de nombreux processus impliqués dans le développement, la croissance, mais aussi dans la tolérance aux stress abiotiques et biotiques en apportant de nouvelles fonctions et/ou modulant les fonctions de leur hôte. Le concept d'holobionte/hologénome et de phénotype étendu en constitue le cadre conceptuel. Dans ce contexte, un axe de recherche vise à décrire les bases génétiques de l'hôte impliquées dans ces interactions par des approches de génétique quantitative. Une preuve de concept a été faite sur une collection d'écotypes de la légumineuse modèle *Medicago truncatula*, confrontée à un même réservoir de diversité microbienne. Des approches d'écologie des communautés, d'écophysiologie et de génétique d'association ont été mobilisées. Les données produites ont été analysées et intégrées pour associer des gènes de *M. truncatula* aux paramètres écophysiologiques et microbiens.

Résultats

Nous avons montré qu'une collection de 155 génotypes de *M. truncatula* présentait des niveaux de croissance et des stratégies nutritionnelles contrastées, soulignant l'importance de prendre en compte à la fois des traits structuraux et fonctionnels via des approches d'écophysiologie. Cependant, peu de loci ont pu être associés par GWAS à ces traits écophysiologiques. Nous avons également montré que les communautés bacteriennes rhizosphériques variaient en fonction du génotype de plante. Enfin, nous avons pu identifier des taxa bactériens qui peuvent prédire les traits écophysiologiques de la plante, ainsi que de nombreux gènes associés à l'occurrence de ces bactéries, ou à des bactéries qui leurs sont associées dans un réseau de cooccurrences. Les gènes identifiés sont majoritairement impliqués dans les voies de défense et de réponse hormonale ainsi que dans le transport de nutriments et la croissance racinaire.

Perspectives

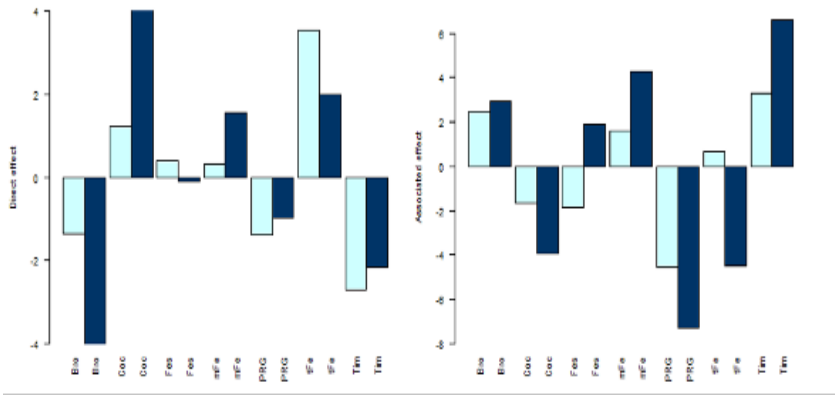
Ces travaux originaux sont actuellement poursuivis dans le cadre du projet Deep Impact (coordination UMR IGEPP) à deux espèces d'intérêt agronomique, le blé et le colza. Pour cela et dans l'objectif d'associer des gènes de la plante à des gènes microbiens, une approche complémentaire mobilisant des consortia microbiens connus (impliqués dans des processus de compétition ou d'antagonisme) a été privilégiée. Le phénotype étendu qui est étudié correspond à la modulation de la réponse de la plante à des agents pathogènes (réduction de la maladie) initiant ainsi une vision plus large des interactions plante-microbiotes en terme de santé et de compromis entre croissance et défense. Ces études pourront être complétées par (i) l'analyse des métabolites définissant le paysage chimique de la plante et (ii) de fonctions liées à l'immunité de la plante.

Valorisation

Les travaux engagés mettent en perspective la question de la sélection variétale ciblant à la fois les traits et gènes impliqués dans les interactions plante-microbiotes et l'assemblage d'un microbiote fonctionnel étendant les capacités adaptation du génotype de plante dans des contextes de stress multiples abiotiques et biotiques. Les capacités de réponses des plantes à ces stress (résistance, tolérance) peuvent aussi correspondre à des capacités d'amortissement (résilience) dans le cadre des changements climatiques.

Publication : doi.org/10.1111/nph.20272

Mots clés : interactions plante-microbiotes, écologie microbienne, génétique quantitative, écophysiologie



Analyse de la compétition et de la complémentarité entre espèces dans les associations luzerne-graminées fourragères pour des prairies multi-services

Contact : Bernadette Julier
UR P3F, Centre INRAE Nouvelle-Aquitaine Poitiers

Les associations luzerne - graminée fourragère permettent de d'obtenir une prairie productive et de bonne valeur alimentaire, tout en limitant l'envahissement par des adventices et en fournissant des reliquats azotés pour la culture suivante. L'estimation des effets directs et associés de la graminée dans le mélange permet de bien illustrer les compétitions. Une complémentarité se met en place après 3 ans de culture concernant l'azote et la croissance.

Contexte / enjeux

Les mélanges d'espèces impliquant au moins une légumineuse ont pour potentiel d'optimiser la fixation d'azote atmosphérique. Ils sont fréquemment utilisés dans les prairies. La compréhension des mécanismes de compétition et de complémentarité permet d'aider au choix des espèces associées. Tout en maintenant un équilibre entre les deux espèces, l'ambition de ces mélanges est d'obtenir une production et une valeur alimentaire au moins aussi bonnes que la meilleure des espèces pures, de lutter contre les adventices, et que les reliquats azotés soient importants pour la culture suivante.

Résultats

Comparées aux espèces pures, les associations entre une luzerne et une graminée fourragère permettent de d'obtenir une prairie productive et de bonne valeur alimentaire, tout en limitant l'envahissement par des adventices. Les résultats dépendent de l'espèce de graminée fourragère qui joue aussi sur la proportion de luzerne dans l'association. L'estimation des effets directs et associés de la graminée dans le mélange permet de bien illustrer les compétitions. Après 3 ans, le rendement de l'association et la proportion de luzerne tendent à diminuer, avec des effets croissants de complémentarité : le transfert d'azote de la luzerne vers la graminée s'accroît et les saisonnalités de croissance se désynchronisent. Le service de fourniture d'un reliquat azoté par l'association à la culture suivante reste important alors même que la proportion de luzerne n'atteint plus que 20%. Les avantages des mélanges prairiaux impliquant la luzerne et une graminée fourragère sont confirmés.

Perspectives

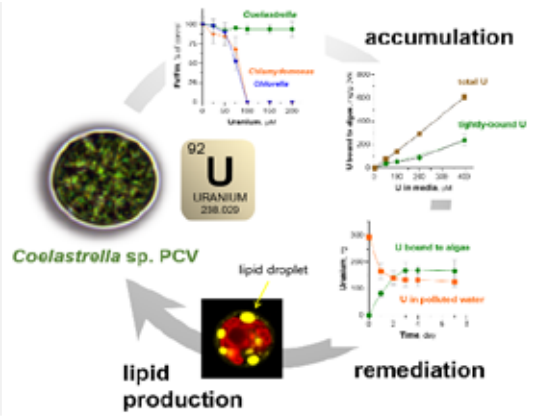
Les analyses réalisées dans cette étude permettent de mieux comprendre les mécanismes d'interaction entre espèces dans les associations. Elles pourront être appliquées à des mélanges incluant des variétés différentes pour tester l'importance de la diversité génétique pour ces composantes de la compétition et de la complémentarité.

Valorisation

Deux publications scientifiques.
Une communication dans un congrès de vulgarisation (RFL4).

Publications : doi.org/10.1007/s11104-024-06479-z et doi.org/10.1016/j.fcr.2024.109308

Mots clés : légumineuse, mélange, service, azote, prairie



Caractérisation d'une micro-algue verte ayant un fort potentiel de remédiation d'eaux polluées par les métaux

Contact : Stéphane Ravanel
UMR LPCV, Centre INRAE Lyon-Grenoble ARA

La micro-algue verte *Coelastrella* sp. PCV possède des propriétés uniques de tolérance et d'accumulation de l'uranium, un radioélément naturel et chimiotoxique. La micro-algue présente un fort potentiel pour la bioremédiation puisqu'elle est capable de dépolluer des eaux naturelles contaminées par l'uranium et le plomb. *Coelastrella* sp. PCV est un organisme de choix pour identifier de nouveaux mécanismes moléculaires de réponse et d'adaptation au stress métallique.

Contexte / enjeux

La contamination des écosystèmes terrestres et aquatiques par l'uranium est une menace pour l'environnement et la santé humaine en raison de la toxicité chimique de cet élément métallique naturel. La caractérisation d'organismes qui tolèrent et accumulent l'uranium est essentielle pour déchiffrer les mécanismes moléculaires impliqués dans la lutte contre les effets toxiques du radionucléide et pour proposer de nouvelles stratégies efficaces pour la bioremédiation des environnements contaminés par l'uranium.

Résultats

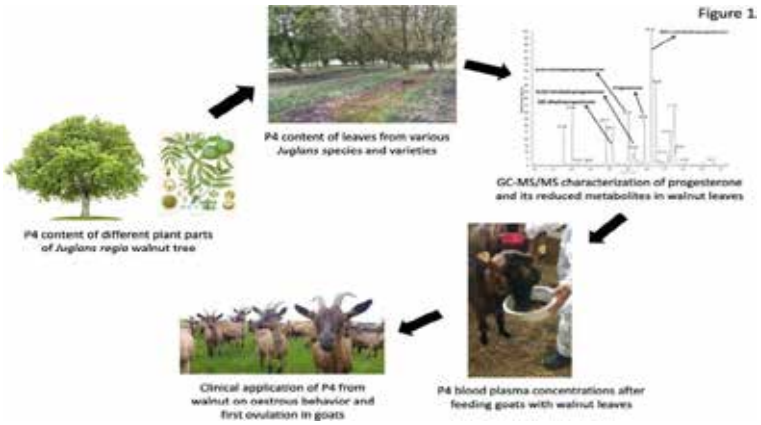
Dans ce travail, nous décrivons la caractérisation d'une nouvelle micro-algue verte unicellulaire du genre *Coelastrella* isolée à partir d'eaux usées contaminées par de l'uranium. Nous avons montré que *Coelastrella* sp. PCV est beaucoup plus tolérante à l'uranium que les microalgues modèles *Chlamydomonas reinhardtii* et *Chlorella vulgaris*. Au cours du stress métallique, *Coelastrella* sp. PCV est capable d'accumuler très rapidement l'uranium puis de le relaguer progressivement dans le milieu, limitant ainsi les effets toxiques du métal par un processus d'exclusion. La capacité de *Coelastrella* sp. PCV à accumuler l'uranium est remarquablement élevée, avec jusqu'à 240 mg.g-1 de métal fortement lié à la biomasse sèche. *Coelastrella* sp. PCV est capable de se développer dans des eaux naturelles provenant d'une zone humide située à proximité d'une mine d'uranium réhabilitée, eaux pauvres en nutriments essentiels et contaminées par des métaux toxiques. En un seul cycle de croissance, *Coelastrella* sp. PCV est capable de capturer jusqu'à 55 % de l'uranium et 45 % du plomb initialement présents dans les eaux contaminées. En réponse aux stress nutritifs et métalliques qu'elle subit, la micro-algue qui se développe dans ces eaux réoriente son métabolisme vers la production de lipides neutres (triglycérides) qu'elle accumule sous forme de gouttelettes lipidiques.

Perspectives

Coelastrella sp. PCV est une micro-algue très prometteuse pour l'assainissement d'eaux naturelles ou industrielles polluées par des métaux. Une valorisation de la biomasse algale riche en lipides neutres est également envisageable. Les propriétés uniques de tolérance et d'accumulation de l'uranium de *Coelastrella* sp. PCV en font un organisme de choix pour identifier de nouveaux mécanismes moléculaires de réponse et d'adaptation aux stress métalliques.

Publication : doi.org/10.1016/j.scitotenv.2023.168195

Mots clés : pollution, métaux lourds, uranium, micro-algue, tolérance, phycoremédiation



Le noyer au service des caprins

Contacts : Elisabeth Dirlewanger & Philippe Chemineau
UMR BFP, Centre INRAE Nouvelle-Aquitaine Bordeaux
UMR PRC, Centre INRAE Val de Loire

Des teneurs très importantes en progestérone ont été détectées dans les feuilles de 3 variétés de noyers les plus cultivées. L'ingestion de granulés à base de feuilles de noyer pourrait être une alternative à l'utilisation d'éponges intra vaginales utilisées pour synchroniser les ovulations chez les caprins. Ces nouvelles pratiques seraient utilisables en élevage biologique et éviteraient la libération de composés chimiques dans l'environnement.

Contexte / enjeux

Chez les caprins, des éponges intravaginales imprégnées d'un analogue de progestérone (P4) de synthèse sont utilisées pour synchroniser le cycle ovulatoire des chèvres. L'enjeu est ici de remplacer l'utilisation de ces éponges vaginales par une ingestion de granulés à base de feuilles de noyer. L'accès de chercheurs du département PHASE à la collection de noyers du CRB *Prunus Juglans*, localisée à Toulenne, constituée par des chercheurs BAP, a permis une belle collaboration entre ces deux groupes initialement éloignés sur le plan thématique.

Résultats

Des teneurs très importantes en progestérone ont été détectées dans les feuilles de 3 variétés de noyer les plus cultivées. Une augmentation très significative de la concentration plasmatique en P4 a été observée après distribution de granulés à base de feuilles de noyer. Cependant, malgré cette concentration plasmatique élevée de P4, le comportement de chaleurs et la durée du cycle induit, habituellement obtenus avec les éponges imprégnées chez les chèvres, n'ont pas été modifiés comme attendu.

Perspectives

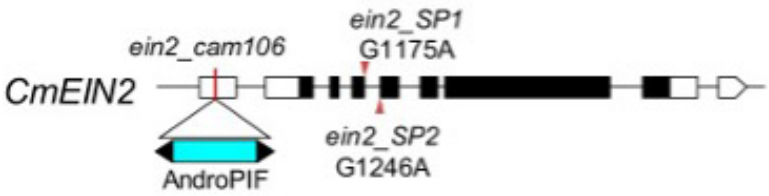
Une augmentation de la teneur en P4 des granulés en utilisant des variétés à très forte teneur en P4 ou en modifiant le mode d'administration des feuilles sont en cours d'étude. Une étude GWAS est également en cours pour élucider le déterminisme génétique de la teneur en P4 des feuilles de noyer et développer des marqueurs liés à ce caractère.

Valorisation

publication – changement des pratiques d'élevage plus respectueuse de l'environnement et du bien-être animal.

Publication : doi.org/10.1016/j.animal.2024.101392
Brevet : FR 3116720 "Progestérone végétale et utilisations"

Mots clés : caprins, noyer, progesterone, synchronisation des ovulations



Sexe des plantes, attractivité des pollinisateurs et développement des fruits

Contact : Abdelhafid Bendahmane
UMR IPS2, Centre INRAE IdF - Versailles-Saclay

Publication de trois études portant sur les mécanismes moléculaires contrôlant le sexe des plantes fleurs, les avancées en phénotypage des interactions plantes-pollinisateurs et la nouaison des fleurs. Ces travaux lient recherche fondamentale et applications agricoles, en répondant aux défis liés à la reproduction végétale, à l'adaptation climatique et à l'amélioration des rendements.

Contexte / enjeux

Face aux défis du changement climatique et son impact sur la productivité des cultures nous avons mené des études pour comprendre les l'impact de l'environnement sur la reproduction des plantes, l'attractivité des pollinisateurs et la nouaison.

Résultats

Trois études ont été publiées. La première a révélé les mécanismes génétiques et moléculaires sous-tendant l'unisexualité des fleurs chez les plantes, offrant de nouvelles perspectives sur la différenciation sexuelle et l'évolution des espèces végétales. La deuxième a mis en avant les avancées en phénotypage des interactions plantes-pollinisateurs, en s'appuyant sur des technologies innovantes comme l'imagerie 3D et la volatilomique pour explorer ces relations complexes. La troisième étude a détaillé les processus de nouaison et de développement des fruits, identifiant les voies moléculaires impliquées dans la transition des fleurs en fruits et leurs implications pour l'augmentation des rendements agricoles.

Perspectives

Ces découvertes ouvrent de nouvelles pistes de recherche pour approfondir notre compréhension des mécanismes de reproduction végétale et des interactions écosystémiques. Elles pourraient également orienter les efforts pour adapter les cultures aux conditions climatiques extrêmes, optimiser les rendements et renforcer la durabilité des systèmes agricoles.

Valorisation

Les résultats obtenus offrent des opportunités d'application dans la sélection variétale et le développement de solutions innovantes pour améliorer la résilience et la productivité des cultures. En combinant recherche fondamentale et outils technologiques avancés, ces travaux renforcent notre capacité à répondre aux défis globaux tout en intégrant ces connaissances dans des pratiques agricoles durables et adaptées aux futurs besoins alimentaires.

Publications : doi.org/10.1038/s41467-024-49250-9
doi.org/10.1016/j.molp.2024.06.011
doi.org/10.1016/j.tplants.2024.06.007

Mots clés : reproduction, nouaison, agroécologie, pollinisateurs

Faits marquants 2024

GOS 4

Améliorer les plantes et les peuplements en mobilisant les outils d'aide à la sélection pour les systèmes de cultures innovants

- Axe 4.1 - Prise en charge et valorisation de nouveaux allèles, de nouveaux traits, de nouveaux objets et de nouvelles espèces
- Axe 4.2 - Développement d'outils d'aide à la sélection et évaluation de l'innovation

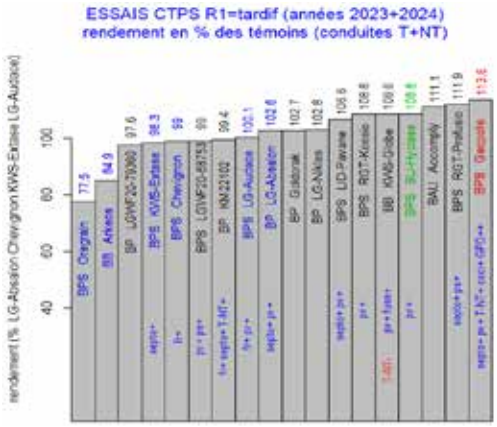
L'innovation variétale

L'innovation variétale est le creuset d'intégration des résultats de la recherche amont pour développer des preuves de concepts pour répondre aux enjeux de l'agriculture d'aujourd'hui et de demain.

INRAE, au sein de son département Biologie et Amélioration des Plantes, consacre des moyens significatifs pour conduire 7 programmes de création variétale sur 11 espèces, aussi bien annuelles (blé tendre, pois d'hiver, féverole d'hiver, lentille, dactyle) que pérennes (vigne et ses porte greffe, pommier, poirier, cerisier, abricotier et prunier et leurs prote greffe). Ces programmes ont pour objectif de produire du matériel végétal innovant en combinant des caractéristiques répondant aux enjeux des défis posés par la transition agroécologique, le maintien d'une production suffisante et de qualité dans des conditions d'aléas climatiques, le renforcement de la biodiversité dans les agroécosystèmes et la réduction de l'émission des Gaz à Effet de Serre des productions agricoles.

Ces travaux, à forte valeur démonstrative, s'inscrivent en complémentarité des programmes portés par le secteur privé de l'obtention en explorant des cibles risquées et innovantes pour développer des preuves de concept. Le flux variétal ainsi généré permet de mettre à disposition des filières des innovations répondant aux besoins des nouvelles pratiques et, à travers la protection par le Certificat d'Obtention Végétale, rend accessible à l'obtention privée le matériel génétique afin qu'il puisse intégrer les schémas de sélection de nos partenaires.

INRAE mobilise de la sorte l'innovation variétale comme levier d'impact de ses travaux de recherche amont sur les filières, appuyé par l'outil de développement de sa filiale Agri Obtentions, et comme levier de transfert aux partenaires privés.



Inscription au catalogue d'une variété de blé tendre adaptée à une culture économe en intrants

Contact : Emmanuel Heumez
UMR GCIE, Centre INRAE Hauts-de-France

La variété de blé tendre Geopolis, destinée aux grands bassins de production français (Hauts-de-France et Bassin Parisien), et particulièrement adaptée aux itinéraires techniques économes en intrants grâce à son haut niveau de résistance aux maladies fongiques et sa forte efficience en termes de valorisation de l'azote, a été inscrite en 2024. Cette variété issue de la sélection conduite par l'INRA puis INRAE et Agri-Obtentions a été classée première dans la zone Nord de la France.

Contexte / enjeux

La variété Geopolis est issue du programme Innovation Variétale et Diversification (IVD) blé tendre INRAE-AO. Elle a été proposée à l'inscription en octobre 2024, à la suite des deux années d'épreuves du CTPS, en tant que BPS (Blé Panifiable Supérieur) et en étant première du classement de la zone R1 (zone Nord de la France, à laquelle correspond son niveau de tardiveté). Geopolis a obtenu 113.6% du rendement des témoins et 6 bonus : 4 bonus simples pour ses résistances à la septoriose, au piétin-verse et à la cécidomyie orange, ainsi que pour son faible écart de rendement entre la conduite "traitée fongicides" et la conduite "non traitée" ; et un double bonus pour un écart positif et hautement significatif par rapport à la droite de régression négative entre rendement et teneur en protéines (GPD++). Ce caractère GPD++ indique qu'à niveau de rendement égal, Geopolis obtient 0.75 à 1 point de teneur en protéines de plus que les variétés ne manifestant pas ce caractère.

Résultats

Geopolis est issue d'un croisement réalisé à Estrées-Mons dans la Somme entre la variété Bagou (blé biscuitier résistant aux maladies foliaires inscrit en 2006) et la lignée INRAE-AO RE10039. RE10039 est elle-même issue du croisement entre la variété Hamac (blé pour autres usages que la panification inscrit en 2002) et la lignée INRAE-AO CF99102 (inscrite en 2011 sous le nom de Skerzzo, une des deux premières variétés inscrites en France avec la mention "adaptée à l'agriculture biologique").
Geopolis a été sélectionnée d'abord grâce aux observations effectuées dans la pépinière d'Estrées-Mons (générations F1 à F5), auxquelles se sont ajoutés ensuite (générations F6 à F9) les résultats obtenus sur le réseau d'essais "inter-stations" INRAE-AO (7 sites pour la zone Nord). Ce réseau d'essais met en œuvre les deux conduites appliquées lors des expérimentations CTPS (conduite intensive classique et conduite "non traitée fongicides"), auxquelles s'ajoute une conduite "faibles intrants" spécifique du groupe IVD, plus cohérente avec la transition agroécologique.
En plus de sa résistance au piétin-verse et à la rouille brune, Geopolis est particulièrement résistante à la septoriose (note de 8 à l'inscription, qui est la note la plus élevée jamais proposée au CTPS depuis la variété INRAE-AO Gwenn qui avait été notée 7.5). C'est cette résistance qui explique pour partie ses excellents rendements, notamment en 2024 où la pression de septoriose a été exceptionnellement forte, confirmant ainsi que la sélection INRAE-AO, toujours fortement orientée vers l'obtention de variétés multi-résistantes, reste très pertinente.

Perspectives

Cette nouvelle variété donne la possibilité aux agriculteurs de réduire l'utilisation des fongicides, des insecticides et les apports d'azote, sans pénaliser leur marge pour la culture du blé tendre, car la perte de rendement par rapport à une conduite intensive classique peut être plus que compensée par une baisse des charges. Elle pourra par ailleurs contribuer à atteindre les objectifs du plan Ecophyto II+.

Valorisation

Agri-Obtentions procède à un lancement important de Geopolis : près de 600 ha de multiplication pour la campagne 2024-2025. Une première depuis le lancement de la variété Koreli en 2006.

Innovation : catalogue officiel des variétés

Mots clés : agroécologie, innovation variétale, réduction d'intrants, variété multi-résistante

Inscription au catalogue officiel de 3 variétés à résistance polygénique au mildiou et à l'oïdium issues du programme ResDur : Calys N, Exelys B et Artys B

Contact : Vincent Dumas
UMR SVQV, Centre INRAE Grand Est - Colmar

Trois nouvelles variétés de vigne possédant des gènes de résistances aux maladies fongiques mildiou et oïdium ont été inscrites au catalogue français des variétés. Il s'agit de Calys, Exelys et Artys, qui viennent en complément de 9 autres variétés inscrites précédemment par INRAE. Ces variétés permettent une réduction considérable de l'utilisation de fongicides.

Contexte / enjeux

Deux contraintes majeures pèsent sur la viticulture de demain : l'obligation de réduire l'usage des pesticides et la nécessité d'adapter la production aux effets du changement climatique.

En effet, la vigne cultivée est très sensible aux maladies fongiques que sont le mildiou et l'oïdium. Sa protection est essentiellement assurée par lutte chimique plaçant la viticulture au second rang sur le marché des produits phytosanitaires après les céréales. Ce moyen de protection des plantes efficace a des impacts préjudiciables sur l'environnement, la santé des viticulteurs et des riverains des vignobles sur les revenus mais aussi sur l'image de marque de la viticulture.

Par ailleurs, il est établi que les changements climatiques induisent un développement de la vigne de plus en plus précoce partout en France. Il en résulte une maturation des raisins durant les périodes estivales les plus chaudes, entrainant une perte d'acidité des raisins à la récolte et une modification de leur composition aromatique impactant la qualité des vins.

La création de nouvelles variétés de vigne intégrant une résistance aux maladies cryptogamiques et permettant une adaptation aux nouvelles contraintes climatiques constitue une voie majeure pour répondre aux enjeux d'une viticulture durable et plus respectueuse de l'environnement.

Résultats

Trois nouvelles variétés, Calys, Exelys et Artys, ont été inscrites en 2024, résultant d'une 2e série de croisements ResDur2, entre d'une part, un géniteur INRAE d'Alain Bouquet, et d'autre part, la variété Bronner Bronner sélectionnée en 1999 par l'institut Staatliches Weinbauinstitut Freiburg (Allemagne). Les parents, tous deux résistants, ont été choisis pour leurs caractères qualitatifs et pour leurs origines de résistance différentes. Les croisements de la série ResDur2 ont permis l'inscription de 5 variétés en 2022, puis de ces 3 dernières variétés. Au total, ces 8 variétés ont été sélectionnées parmi une population qui comptait au départ près de 7500 pépins.

Toutes ces variétés sont dotées d'une résistance polygénique, constituée de deux facteurs de résistance au mildiou et trois facteurs de résistance à l'oïdium. Afin de préserver ces facteurs de résistance, en l'état actuel des connaissances, il est indispensable de réaliser un minimum de 2 traitements fongicides contre le mildiou et l'oïdium, conduisant à une économie en fongicides comprise entre 80% et 90% par rapport à une variété sensible. La précocité des 3 nouvelles variétés s'échelonne entre celle du Chardonnay et du Merlot, et convient à de nombreuses régions viticoles françaises. La qualité organoleptique des vins produits est jugée comparable aux cépages témoins, avec des profils de vins blancs très différents entre Exelys et Artys et des profils de vins rouges, fruités, complexes et riches en tanins, avec une intensité colorante élevée pour Calys.

Perspectives

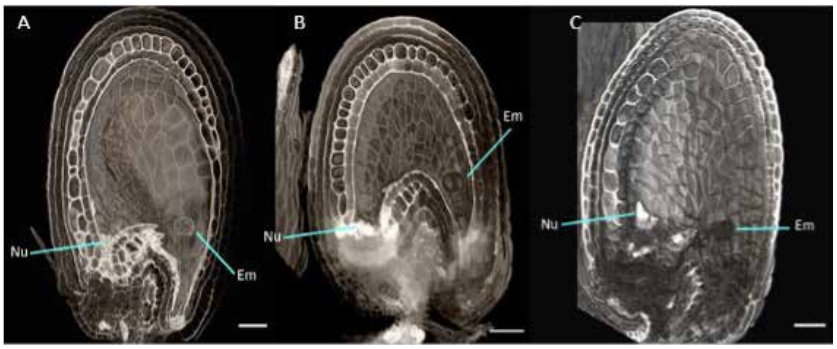
Une troisième et dernière série de croisement Resdur3 va aboutir à l'inscription de nouvelles variétés à partir de 2025. Les variétés résistantes issues du programme INRAE-ResDur ouvrent la voie à une viticulture performante, respectueuse de l'environnement, pleinement engagée dans la transition agro-écologique. Dans la continuité de ces travaux, douze programmes de création de variétés de cuve à typicité régionale sont en cours avec les interprofessions viticoles de toutes les régions françaises. Les premières inscriptions de variétés issues de ces programmes régionaux sont attendues à partir de 2030.

Valorisation

Ces variétés INRAE-ResDur sont commercialisées sous la marque ENTAV INRA, qui associe INRAE et l'IFV.

Innovation : catalogue officiel des variétés

Mots clés : vigne, résistance durable, mildiou, oïdium



Imagerie confocale des graines

Contact : Enrico Magnani
UMR IJPB, Centre INRAE IdF - Versailles-Saclay

Dans les plantes à fleurs, le développement des graines dépend de l'interaction continue entre les produits de la fécondation (embryon et endosperme) et les tissus maternels. Comprendre ce processus complexe nécessite des techniques de microscopie pour révéler la structure interne. Nous présentons ici deux méthodes pour imager la structure tridimensionnelle des graines d'*Arabidopsis* par microscopie confocale à balayage laser.

Contexte / enjeux

Le développement des graines est un processus clé pour la reproduction des plantes à fleurs, basé sur l'interaction complexe entre les produits de la fécondation (embryon et endosperme) et les tissus maternels. Comprendre ces mécanismes sous-jacents, en particulier la manière dont les structures cellulaires et tissulaires interagissent pour former une graine fonctionnelle, est essentiel en biologie végétale, en génétique et pour l'amélioration des cultures. Pour explorer ces processus, il est impératif de recourir à des techniques de microscopie avancées qui permettent de visualiser les structures internes tridimensionnelles des graines, car les méthodes conventionnelles de coloration et de dissection présentent des limites importantes dues à l'épaisseur et à la faible perméabilité des graines.

Résultats

Les techniques de microscopie confocale à balayage laser ont permis d'obtenir des images tridimensionnelles précises des structures internes des graines d'*Arabidopsis,* révélant la complexité architecturale des parois cellulaires et des tissus environnants. La coloration à l'iodure de propidium a aussi permis de réaliser des reconstructions 3D détaillées des cellules et d'observer la distribution de l'amidon dans les tissus. En complément, les colorants Renaissance SR2200 et calcofluor White M2R, ciblant spécifiquement les glucanes de la paroi cellulaire, ont fourni des images contrastées des contours cellulaires, facilitant l'observation de l'organisation cellulaire des tissus reproducteurs et le suivi des étapes du développement des ovules. Ces résultats ont permis de visualiser la structure et la dynamique des tissus internes des graines d'*Arabidopsis,* offrant ainsi une meilleure compréhension des interactions entre embryon, endosperme, et tissus maternels.

Perspectives

Ces techniques offrent un potentiel exceptionnel pour l'étude approfondie de la morphologie et de la physiologie des graines, non seulement chez des plantes modèles comme *Arabidopsis*, mais également chez d'autres espèces végétales. La capacité unique à visualiser simultanément la paroi cellulaire et le contenu en amidon permet une analyse intégrée et détaillée des processus biologiques essentiels à la fertilité, à la croissance et au métabolisme des graines. En rendant possible une compréhension plus fine des mécanismes de développement des graines, ces méthodes contribuent à identifier les facteurs influençant leur viabilité et leur fertilité, ouvrant de nouvelles perspectives pour les recherches en biologie végétale et pour l'amélioration des espèces cultivées.

Valorisation

La valorisation de ces méthodes dans des contextes de recherche appliquée et d'amélioration des plantes pourrait conduire à des innovations en sélection végétale, en particulier pour les cultures nécessitant des semences viables et résistantes. Les protocoles développés peuvent être standardisés et utilisés dans des laboratoires d'agronomie et de biotechnologie pour analyser les graines de plantes modèles ainsi que des espèces agricoles importantes, soutenant des applications en amélioration génétique et en adaptation des cultures.

Publication : doi.org/10.1007/978-1-0716-3965-8_9

Mots clés : graine, fécondation, microscopie

La gestion des adventices sans herbicide : quelles fonctions et quels traits des cultures améliorer grâce à la sélection ?

Contact : Rémi Perronne
UMR IGEPP, Centre INRAE Bretagne-Normandie

Différentes stratégies de gestion des adventices sans herbicide sont présentées dans cette synthèse bibliographique. Les principales stratégies portent sur l'amélioration de la compétitivité, l'évitement de la compétition, la réduction du stock semencier, le désherbage mécanique et l'allélopathie. Pour chaque levier agronomique, cette synthèse identifie les traits fonctionnels à cibler et à intégrer dans de futurs schémas de sélection.

Contexte / enjeux

Les agriculteurs rencontrent de réelles difficultés pour contrôler les adventices en raison du nombre croissant de cas de résistance aux herbicides, du retrait de matières actives non remplacées, du coût du désherbage mécanique et des aléas liés au changement climatique. Depuis au moins trois décennies, différents leviers agronomiques ont été proposés dans un contexte de gestion intégrée des adventices afin de réduire la dépendance des systèmes de culture aux herbicides. Dans cette étude, nous considérons que la combinaison efficace de leviers agronomiques et génétiques permettrait de favoriser les régulations biologiques au sein des agroécosystèmes pour, au moins partiellement, surmonter ces difficultés. Jusqu'à présent, les implications de la gestion intégrée des adventices n'ont pas été largement prises en compte dans les schémas de sélection, cet objectif n'ayant pas été jugé prioritaire par les sélectionneurs, sauf chez certaines espèces en agriculture biologique. Dans ce contexte, les variétés commercialisées se caractérisent par une compétitivité réduite et une faible adaptation aux leviers agronomiques disponibles. La synthèse conduite, réalisée par des acteurs publics et privés coordonnée par le consortium PlantAlliance, vise à déterminer les fonctions des espèces cultivées sur lesquelles il faut mettre l'accent pour une gestion efficace des adventices sans herbicide, ainsi que les caractéristiques associées à ces fonctions qui devront être améliorées dans le cadre d'une démarche de sélection.

Résultats

La synthèse a mis en évidence différentes stratégies de gestion des adventices sans herbicide, à savoir (1) améliorer la compétitivité des plantes cultivées et l'efficience d'utilisation de l'azote par les cultures, (2) éviter la compétition des adventices tout en réduisant le stock semencier du sol, (3) désherber mécaniquement durant le cycle cultural et (4) gérer les adventices via la capacité allélopathique des cultures et de leurs résidus. Pour chaque stratégie, l'étude a permis d'identifier les traits et fonctions à cibler, à caractériser parmi les ressources génétiques disponibles et à intégrer potentiellement dans de futurs schémas de sélection.

Perspectives

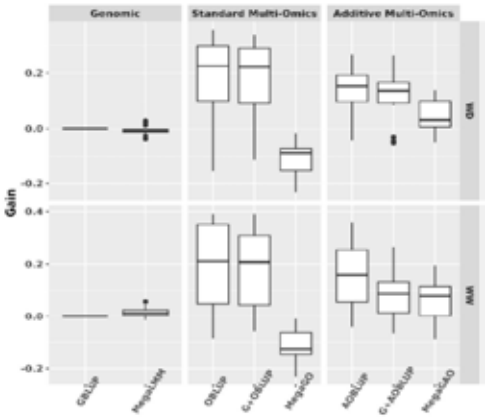
Face au double défi de la transition agroécologique et du changement climatique, les sélectionneurs doivent concevoir, avec les agronomes et les malherbologues, différents idéotypes plus pertinents pour la gestion des adventices sans herbicide. Ces idéotypes doivent tenir compte de la gamme des leviers agronomiques disponibles afin que les agriculteurs puissent choisir les variétés les plus adaptées à leur système de culture et leur situation de production. La volonté des secteurs public et privé de la recherche pour accorder leurs visions sur l'état des lieux des réalisations et les points faibles à explorer est positive et devrait perdurer.

Valorisation

Plusieurs éléments de cette étude ont été intégrés aux schémas de sélection de certaines cultures.

Publication : doi.org/10.1016/j.cropro.2024.106631

Mots clés : gestion intégrée des adventices, traits, sélection, gestion de l'azote, culture, diversification, association



Amélioration de la prédiction et de la compréhension des interactions génotypes x environnements par intégration de données multi-omiques

Contact : Renaud Rincent
UMR GQE-Le Moulon, Centre INRAE IdF - Versailles-Saclay

Des données de transcriptomique peuvent être considérablement plus efficaces que les marqueurs de polymorphisme de l'ADN pour prédire les interactions génotypes x environnements. Ces données nous ont également permis de gagner en résolution et en puissance de détection dans les analyses d'association, démontrant ainsi leur complémentarité par rapport aux puces SNP.

Contexte / enjeux

Les approches prédictives telles que la sélection génomique sont devenues des outils essentiels en amélioration des plantes car elles permettent de prédire les performances de génotypes qui n'ont encore jamais été observés aux champs. Le principe de la sélection génomique consiste à estimer l'effet de polymoprhismes présents sur l'ADN sur le phénotype cible grâce à un panel d'entraînement. Une fois ces effets estimés, il est ensuite possible de prédire de nouvelles variétés à partir du moment où elles ont été génotypées. Cette méthode permet selon les espèces, de réduire la durée des cycles de sélection, d'augmenter la pression de sélection ou d'optimiser le choix des croisements. Les marqueurs de polymorphismes de l'ADN ont toutefois l'inconvénient d'être invariants quelles que soient les conditions de culture et ne sont donc pas très performants pour prédire les interactions génotypes x environnements, sources de variabilité importante chez les plantes. Mieux prédire la réponse des génotypes aux conditions de culture est un enjeu important pour développer de nouvelles variétés adaptées au changement climatique.

Résultats

Lors de sa thèse, Baber Ali a pu démontrer que l'utilisation de données de transcriptomiques ou de protéomiques pouvaient considérablement augmenter les qualités de prédictions génomiques dans certaines conditions. L'abondance des transcrits et des protéines répondent en effet aux conditions de culture et capture donc la manière dont la plante réagit à son environnement. Quand ces données sont mesurées dans un environnement similaire à l'environnement cible (ici une plateforme de phénotypage avec différents niveaux de stress hydrique), elles permettent de capturer une part beaucoup plus importante de variance que les marqueurs ADN ce qui résulte dans une qualité prédictive 75% plus élevée que les prédictions génomiques. D'autre part, quand la partie additive des données de transcriptomique est extraite, celle-ci permet d'augmenter de 5% la qualité prédictive d'un modèle de prédiction génomique pour des caractères mesurés dans des conditions complètement différentes (caractères de productivité mesuré en plein champ). D'autre part, Baber a pu démontrer que les données omiques mesurées en plateforme permettaient d'identifier plus de gènes que les approches de génétique d'association, et ceci avec une bien meilleure résolution.

Perspectives

Ces résultats ouvrent la voie à une utilisation des données omiques pour améliorer à la fois les qualités prédictives, mais également la puissance et la résolution des détections de gènes des modèles utilisées en amélioration des plantes.

Publication : doi.org/10.1007/s00122-024-04679-w

Mots clés : prédiction génomique, génétique des systèmes, transcriptomique, protéomique, génétique quantitative

Ouvrage sur la domestication des plantes : son passé et ses possibles futurs

Contact : Francois Parcy
UMR LPCV, Centre INRAE Lyon-Grenoble ARA

Cet ouvrage fournit à un public large un bagage de connaissances génétiques sur la domestication des plantes depuis ses origines empiriques jusqu'aux techniques les plus récentes incluant l'édition des génomes (NGT ou Nouvelles technologies génomiques). Il vise à permettre à chacun de se positionner de façon informée dans le débat actuel sur le futur de l'agriculture.

Contexte / enjeux

Depuis des millénaires, l'agriculture exploite des mutations naturelles et artificiellement introduites pour créer des variétés adaptées aux besoins humains. Aujourd'hui les technologies permettent d'aller encore plus loin en choisissant les mutations en se basant sur des connaissances scientifiques établies sur des bases de génétique moléculaire. Pourtant, les manipulations génétiques (OGM, nouveaux OGM ou NGT) font peur au grand public et continue de soulever des oppositions souvent plus viscérales que fondées.

Résultats

Le livre "Les clés du champ" expose de façon accessible à un large public, les différentes étapes de la domestication des plantes au cours des âges. Il montre à quel point l'exploitation des mutations est au cœur du processus de sélection qu'elles soient naturelles ou obtenues par mutagénèses aléatoire ou dirigée. Il expose comment les nouvelles technologies pourraient être utilisées pour aider à faire face aux défis auxquels est confrontée l'agriculture d'aujourd'hui : réduire son impact tout en produisant dans un environnement changeant.

Perspectives

Cet ouvrage représente une base de débat et a été l'objet de retours positifs dans les grands médias (Le Monde, France Inter, France Culture). Son auteur Francois Parcy continue de recevoir des invitations pour discuter du sujet et est déterminé à prendre part aux débats publics dans le futur de la façon la plus scientifique possible.

Valorisation

Débats publics (écrits, radio, télé), ouvrage de référence lorsque le sujet va revenir dans les média, information des partis politiques (initiée)

Ouvrage : ISBN-10 : 237931635X
ISBN-13 : 978-2379316357

Mots clés : domestication, information grand public, génétique végétale, OGM, NGT

Communiqués de presse

Lancement du projet européen GrapeBreed4IPM : des solutions durables pour la viticulture

Lire le communiqué >>>

La viticulture est un des principaux secteurs d'exportation agroalimentaire au sein de l'Union européenne. Face au poids économique et culturel que représente le vin en Europe, accompagner le secteur dans la transition de ses pratiques est une des priorités pour assurer sa viabilité dans les prochaines décennies. Le développement de variétés de vignes résistantes aux maladies, et leur perception par les consommateurs, est au cœur du projet Horizon Europe "GrapeBreed4IPM". Coordonné par INRAE, il rassemble pour 4 ans 19 partenaires de 7 pays, et 2 partenaires associés. Il doit fournir aux professionnels des outils d'aide à la décision pour gérer durablement leurs vignobles, dans le respect des normes européennes.

Contact : Komlan Avia
UMR SVQV, Centre INRAE Grand Est - Colmar

GrapeBreed4IPM vise à développer des variétés de vignes résistantes aux maladies, adaptées aux conditions environnementales et pédo-climatiques locales, pour minimiser la dépendance aux pesticides chimiques. Il examinera également la perception par les consommateurs des nouvelles variétés résistantes et de leurs vins. De plus, il proposera aux agriculteurs, viticulteurs et conseillers agricoles des directives et des guides pour des pratiques optimales pour une gestion intégrée des parasites, favorisant une viticulture plus respectueuse de l'environnement et plus durable en Europe.

Ce projet a 5 objectifs :

- Co-concevoir une vision partagée avec les acteurs de la chaîne de valeur dans différentes régions européennes
- Mener une recherche approfondie pour mieux comprendre les bases moléculaires de la sensibilité et de la résistance aux pathogènes de la vigne, ainsi que les interactions entre la vigne et son environnement
- Développer des programmes de sélection conventionnelle pour de nouvelles variétés résistantes aux maladies, en collaboration avec des acteurs locaux
- Engager des recherches pour développer des variétés emblématiques qui conservent les caractéristiques traditionnelles des vins tout en offrant une résistance aux maladies
- Concevoir et diffuser des outils d'aide à la décision et des conseils pratiques pour optimiser les pratiques culturales adaptées aux variétés résistantes.

Evénement

1er Symposium ISHS Prunier et Abricotier, amélioration et culture

22 au 25 avril 2024 en Avignon

Le 1er Symposium ISHS sur la génétique, l'amélioration et la culture de l'abricotier et du prunier a permis de faire le point des avancées scientifiques et techniques dans les différents domaines (génétique et amélioration, protection sanitaire, techniques culturales, qualité et post récolte…). Il a réuni environ 130 chercheurs, techniciens, hybrideurs issus de 23 pays.

Unités organisatrices : GAFL, SQPOV, A2M et UERI
Contact : Bénédicte Quilot, UR GAFL

INRAE Département BAP
Route de Saint-Cyr
78026 Versailles Cedex

Directeur de publication
Norbert Rolland

Comité éditorial
Eloïse Alcover, Evelyne Barbin, Florence Baussant, Valérie Bergheaud, Rémy Cailliatte, Mathilde Causse, Anne Delaunay, Karine Gallardo-Guerrero, Laurence Garmendia, Nathalie Mansion, Chloé Marchive, Céline Masclaux-Daubresse, Laurence Piguel, Katarzyna Rakoczy, Raphaële Riffart, Norbert Rolland, Elodie Vin

Réalisation
Eloïse Alcover et Nathalie Mansion

Photos
INRAE
IA générative

https://www.inrae.fr/departements/bap

Institut national de recherche pour l'agriculture, l'alimentation et l'environnement

RÉPUBLIQUE FRANÇAISE
Liberté
Égalité
Fraternité

INRAE