

INRAE



Faits marquants 2025 - Département BAP

Biologie et Amélioration des Plantes

Highlights 2025 - BAP Division

Plant biology and improvement

Les faits marquants 2025

du département Biologie et Amélioration des Plantes

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

Classés selon les Grands Objectifs Scientifiques (GOS) du département, ils donnent un bref aperçu des avancées scientifiques de l'année dans le domaine de la biologie et de l'amélioration des plantes à INRAE.

Sommaire

Présentation du département

Les grands objectifs scientifiques et les champs thématiques du département	6
Les dispositifs : unités, CRB, plateformes	8
Faits marquants "Dispositifs"	12

GOS 1

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

L'organisation des réseaux de régulation explique l'évolution et l'héritabilité des phénotypes complexes	14
Réévaluation dans le cadre de l'Open Science internationale de la gestion de données de phénotypage de plus en plus complexes	14
La convergence d'adaptation passée entre espèces pour l'amélioration variétale	15
Identification du complexe protéique responsable de l'attachement des chromosomes à l'enveloppe nucléaire des méiocytes	15
Des approches pour capturer de l'héritabilité manquante	16
L'annotation complète des gènes des récepteurs olfactifs et gustatifs et des éléments transposables a révélé leur dynamique évolutive chez les pucerons	16
La diversité multiéchelle d'un pollen killer d' <i>Arabidopsis</i> révèle son histoire évolutive	17
Régulations épigénétiques chez la vigne	17
Étude des interactions Genotype x Environnement par méta-analyse	18
Quantification semi-automatique des signaux de phosphorylation d'une histone impliquée dans la division cellulaire chez <i>Arabidopsis</i>	18
Making-of génomique de l'infusion des hybrides de thé parmi les rosiers du XIX ^e siècle	19
Le remodelage des xyloglucanes dans la paroi cellulaire joue un rôle essentiel dans la germination de la graine	19
Stratégie d'accélération pour comprendre et maîtriser la tolérance à la dessiccation	20
Caractériser les particularités du métabolisme des acides gras dans l'albumen des Brassicacées	20
L'amandier : une domestication unique au Moyen-Orient et l'architecture complexe de ses pools géniques	21
Rôle essentiel de la protéine navette SGS3 dans l'inactivation des gènes chez la plante <i>Arabidopsis thaliana</i>	21
Quoi de neuf sous terre : mieux comprendre et exploiter la diversité de traits racinaires chez la vigne pour faire face à la sécheresse	22

Communiqué de presse

Une équipe internationale dévoile le pangéome et le panphénome de l'aubergine	23
---	----

Événements

Club européen sur le cytosquelette végétal	24
4 ^{ème} Symposium INUPRAG	24
Les 10 ans du dispositif GreffAdapt	24

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

Contribution du catabolisme des acides aminés dans les processus respiratoires des plantes au cours de la sénescence foliaire	26
L'induction de la floraison du pommier inhibée par les températures élevées ? Le rôle potentiel de la dégradation de la protéine DELLA via un mécanisme dépendant de COP1	26
Autophagie : un outil pour contrôler la sénescence foliaire et stimuler le recyclage de l'azote	27
Les peptides antimicrobiens, arsenal de la défense passif des semences de tomate	27
Perte de pertinence climatique des essais d'inscription variétale du blé en Europe	28
Un même récepteur contrôle la formation systémique des nodules et des racines protéoïdes chez le lupin blanc	28

Sommaire (suite)

Vignes résistantes au mildiou : des loci contournés peuvent compromettre l'efficacité d'autres gènes majeurs de résistance	29
Identification d'un gène de type NBS-LRR conférant une résistance totale au mildiou de la vigne	29
Caractérisation par une approche multi-niveaux chez <i>Arabidopsis</i> de l'effet biostimulant d'un hydrolysate de protéines	30
La limitation en azote chez les plantes altère la défense apoplastique et la capacité des micro-organismes pathogènes à les attaquer	30
Concevoir et expérimenter des systèmes agricoles répondant aux enjeux de la transition agroécologique et face au changement climatique	31
Des lignées de maïs stables ou plastiques : 2 stratégies de réponse face au changement climatique	31
Signatures métaboliques distinctes associées à la réponse à la sécheresse, à l'architecture aériennes et au temps de floraison chez la cameline	32
Identification du gène RMia de résistance aux nématodes chez le pêcher et développement de marqueurs moléculaires intragéniques	32
Résistance à sept virus et leur principal vecteur chez le concombre : des points chauds dans le génome	33
L'observation de collections de pêchers et abricotiers en vergers multisites non traités : un dispositif pertinent pour développer des variétés plus résilientes aux stress biotiques	33

Communiqués de presse

Feu bactérien et vagues de chaleur : comment protéger les vergers ?	34
Changement climatique : les vignobles européens sont les plus affectés	34

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

L'édition épigénétique fait ses preuves chez les végétaux, de son impact sur la transcription à la forme de la plante	36
Découverte d'un acteur essentiel du contrôle épigénétique et de la stabilité du génome végétal	36
Le facteur de transcription LEC2 présente un double mode d'action conservé chez les plantes à fleurs	37
Un criblage de mutants affectés dans le ratio huile/protéines des graines identifie un nouvel allèle transparent testa7	37
Protéines végétales : freins, leviers et projets en cours en France	38
Un gène de la photosynthèse responsable de la chair sanguine des pêches	38
Fonction de la protéine Seipin dans la biogenèse des gouttelettes lipidiques chez la diatomée <i>Phaeodactylum tricornutum</i>	39
Gestion de l'azote par la culture de <i>Miscanthus sinensis</i> : vers de nouveaux services écosystémiques	39
Identification et caractérisation de protéines affines pour l'uranium chez <i>Arabidopsis thaliana</i>	40
Le transport du fer via les coumarines : une stratégie indépendante d'IRT1 pour l'acquisition du fer chez <i>Arabidopsis thaliana</i>	40
Un numéro spécial de la revue J. Exp. Bot. consacré aux fronts de sciences des recherches sur la vigne pour assurer un avenir durable à la filière	41

GOS 4

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

Inscription au catalogue de deux variétés de blé tendre adaptées à l'agriculture biologique	44
Mise au point d'une méthode d'édition des génomes permettant d'accélérer l'innovation variétale chez le pois	44
Un séquençage innovant pour caractériser la diversité des gènes d'adaptation	45
Les pommes durables du futur arrivent : déjà des millions d'arbres d'Inored-Story® et ses sœurs plantés	45
Identification du premier locus associé à la sensibilité à l'Esca chez la vigne	46
Déterminisme génétique de la résistance de la luzerne à l'antracnose	46

Communiqués de presse

INRAE et sa filiale Agri Obtentions annoncent l'arrivée sur le marché d'une variété de blé tendre multi-performante	47
Une sélection compétitive des légumineuses pour une production durable de protéines végétales en Europe	47

Ouvrages / Médiation scientifique / Prix

Gluten, alimentation et santé	48
L'entreprise robuste – Pour une alternative à la performance	48
Atelier "Des Plantes et des Hommes", des milliers de collégiens et de lycéens visitent des laboratoires en Île-de-France	49
Une formation en ligne pour les enseignants abordant Domestication, sélection et biotechnologies végétales	49
Catherine Bellini, lauréate du Prix Rosén Linné de Botanique 2025	50
Théo Leprévost, lauréat de la médaille d'Argent Dufrenoy de l'Académie d'Agriculture de France	50

Highlights 2025

from Plant Biology and Breeding Division

These highlights include a selection of important publications, the launch of major collaborative projects, the signing of partnership agreements, expert reports, forecasts and studies, national and international infrastructure, conferences, awards, and operational solutions. Classified according to the department's Major Scientific Objectives, they provide a brief overview of the scientific advances made during the year in the field of plant biology and improvement at INRAE.

Summary

Division overview

Major scientific objectives, Thematic fields	6
Devices: units, BRC, platforms	8
Highlight "Devices"	12

Obj 1

Manage, describe, and analyze genetic and epigenetic diversity to understand the functioning and adaptation of plants and plant populations.

The structure of gene regulatory networks explains how complex traits are inherited and evolve	14
Reassessing data management in increasingly complex phenotypic datasets for international open science	14
Past inter-crop adaptation convergence for breeding	15
Identification of the protein complex responsible for the attachment of chromosomes to the nuclear envelope of meicyote	15
Approaches to capture missing heritability	16
Comprehensive annotation of olfactory and gustatory receptor genes and transposable elements revealed their evolutionary dynamics in aphids	16
The multi-scale diversity of an Arabidopsis pollen killer reveals its evolutionary history	17
Epigenetic regulation in grapevines	17
Study of Genotype x Environment interactions through meta-analysis	18
Semi-automated quantification of phosphorylation signals of a histone involved in cell division in <i>Arabidopsis</i>	18
Genomic making-of of the infusion of tea hybrids among 19th-century roses	19
Xyloglucan remodelling in cell wall plays a critical role in controlling seed germination	19
A roadmap to advance desiccation tolerance understanding and accelerating translational applications	20
Understanding the specifics of fatty acid metabolism in the endosperm of Brassicaceae	20
The almond tree: unique domestication in the Middle East and the complex architecture of its gene pools	21
Essential role of the SGS3 shuttle protein in gene silencing in the plant <i>Arabidopsis thaliana</i>	21
What's new underground: better understanding and exploiting the diversity of root traits in vines to cope with drought	22

Press release

An international collaboration uncovers the pangenome and panphenome of eggplant	23
--	----

Events

European Plant Cytoskeleton Club	24
4 th INUPRAG Symposium	24
10 years of the GreffAdapt system	24

Obj 2

Understanding the response of plants and plant communities to climatic, nutritional, and biotic stresses in order to adapt them to climate change in agroecological systems

Contribution of amino acid catabolism in plant respiratory processes during foliar senescence	26
Apple floral induction inhibited by high temperatures? The potential role of Apple DELLA degradation through a COP1 dependent mechanism	26
Modulate autophagic activity to control leaf senescence and nitrogen recycling for adaptation to moderate nitrate inputs	27
Seed's shield: How Innate Peptides Defend Tomato Seeds	27
Wheat breeding trials will lose climate relevance in Europe	28
A single receptor orchestrates systemic control of nodules and cluster roots in white lupin	28

Summary (continued)

Downy mildew-resistant vines: defeated loci may compromise the effectiveness of other major resistance genes	29
Identification of an NBS-LRR gene conferring total resistance to grapevine downy mildew	29
Multi-level characterization in <i>Arabidopsis</i> of the biostimulating effect of a protein hydrolysate	30
Plant nitrogen limitation impairs apoplastic defense and affects the ability of pathogenic microorganisms to attack them	30
Designing and testing agricultural systems that respond to the challenges of agroecological transition and climate change	31
Stable or plasticity maize inbred lines: two contrasting response strategies to climate change	31
Distinct metabolic signatures associated with drought response, shoot architecture and Flowering time In camelina	32
Identification of the RMia nematode resistance gene in peach and development of intragenic molecular markers	32
Resistance to seven viruses and their main vector in cucumber: genome hotspots	33
Observation of collections of peach and apricot trees in untreated multi-site orchards: a relevant approach for developing varieties that are more resilient to biotic stresses	33

Press release

Fire blight and heat waves: how to protect orchards?	34
Climate change: European vineyards are the most affected	34

Obj 3

Identify, understand, and mobilize the functions and traits of plants that underpin services for human/ animal health and the environment.

Epigenetic editing proves effective in plants, from its impact on gene transcription to morphology	36
Discovery of a key player in epigenetic control and plant genome stability	36
The LEC2 transcription factor exhibits a dual mode of action that is conserved in flowering plants	37
An innovative screening for mutants affected in seed oil/protein allocation identifies a new transparent testa7 allele	37
Plant proteins: barriers, levers, and ongoing projects in France	38
A photosynthesis-related gene is responsible for the blood-flesh of peaches	38
Function of Seipin in lipid droplets biogenesis in the diatom <i>Phaeodactylum tricornutum</i>	39
Nitrogen management through the cultivation of <i>Miscanthus sinensis</i> : towards new ecosystem services	39
Identification and characterization of uranium-binding proteins in <i>Arabidopsis thaliana</i>	40
Coumarin-facilitated iron transport: An IRT1- independent strategy for iron acquisition in <i>Arabidopsis thaliana</i>	40
A special issue of the J Exp Bot devoted to the scientific frontiers of vine research to ensure a sustainable future for the industry	41

Obj 4

Improving plants and stands by mobilizing selection tools for innovative cropping systems

Registration in the catalog of two bread wheat varieties suitable for organic farming	44
Development of a genome editing method to accelerate varietal innovation in peas	44
Innovative sequencing to characterize the diversity of adaptation genes	45
The sustainable apples of the future are coming: millions of Inored-Story® trees and its sister varieties have already been planted	45
Discovery of a locus associated with susceptibility to Esca in grapevine	46
QTL detection and genomic prediction for resistance to anthracnose in lucerne	46

Press release

INRAE and its subsidiary Agri Obtentions announce the commercial launch of a highly productive multi-resistant bread wheat variety	47
European legume breeding is taken to next level for competitive seed market and sustainable protein production	47

Books / Science outreach / Awards

Gluten, alimentation et santé (Gluten, diet, and health)	48
L'entreprise robuste – Pour une alternative à la performance	48
Workshop "Plants and People", thousands of high-school students visit laboratories in Île-de-France	49
An online training course for high-school science teachers about plant domestication, breeding and biotechnologies	49
Catherine Bellini, winner of the 2025 Rosen Linne prize	50
Théo Leprévost, winner of the Dufrenoy Silver Medal from the French Academy of Agriculture	50

Le département BAP - Biologie et Amélioration des Plantes

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 apportant des réponses aux 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)

GOS 1 : 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

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

- 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 changement climatique)
- 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)

CT 1 : 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.

CT 2 : 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.

CT 3 : 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.

BAP Division - Plant Biology and Breeding

The research conducted by the BAP division aims to produce fundamental and operational knowledge in the field of **plant sciences**. It focuses on the **genetic and (eco) physiological determinism of the development, morphogenesis, and reproduction of plants and cover crops, in interaction with the biotic and abiotic environment**.

The **conservation, characterization, study, and promotion of genetic and epigenetic diversity** are major activities of the department which, together with the **production of knowledge and methodological developments, contribute to the production of innovative materials for**

cultivated plant species, thereby contributing to the sustainability and productivity of agricultural systems.

In interaction with other INRAE departments, the BAP department contributes to the Institute's strategic objectives, generating and disseminating knowledge while addressing societal challenges, **for quality production and production stability through the adaptation of cropping systems to the reduction of synthetic inputs and climate change and for the preservation of the environment in the context of current and future food transitions.**

Major scientific objectives

Obj 1: To manage, describe and analyse genetic and epigenetic diversity in order to understand the functioning and adaptation of plants and plant communities

- 1.1 Functional characterization of diversity
- 1.2 Understanding the dynamics and adaptive role of intraspecific diversity
- 1.3 Understanding and predicting gene expression and its impact at the plant and population levels

Obj 2: Understand the response of plants and plant communities to climatic, nutrient and biotic stresses in order to adapt them to climate change in agroecological systems

- 2.1 Understanding how plants and plant communities function in order to adapt them to climatic and nutritional stresses
- 2.2 Understanding and promoting plant immunity mechanisms to address pesticide reduction

Obj 3: Identify, understand and mobilise plant functions and traits underlying services for human/animal and environmental health

- 3.1 Understanding and improving metabolism for product quality
- 3.2 Understanding photosynthesis, identifying plant functionalities for bioenergy production and improving carbon storage (climate change mitigation)
- 3.3 Understanding and improving plant-organism interactions to maintain soil fertility/quality and biodiversity in agroecosystems

Obj 4: Improving plants and plant populations by using selection tools for innovative cropping systems

- 4.1 Support and promotion of new alleles, new traits, new objects, and new species
- 4.2 Development of tools to assist in the selection and evaluation of innovation

Thematic fields (TF)

TF 1 : Functioning, dynamics and evolution of genomes

Study of plant genomes and their structural and functional dynamics on different time scales. This research provides the basis for developing functional genomics approaches, understanding evolutionary processes and the adaptation of plants to their environment.

TF 2 : Functioning of plants and plant communities in interaction with the environment

This involves studying the genetic, molecular and physiological determinants and mechanisms that govern the major functions of plants and their integration at different biological scales, from the cell to the whole plant and the stand in the environment. These studies help to improve crop productivity in the face of climate change, with low inputs, and to improve the quality and diversification of plant products.

TF 3 : Genetic diversity, adaptation and selection

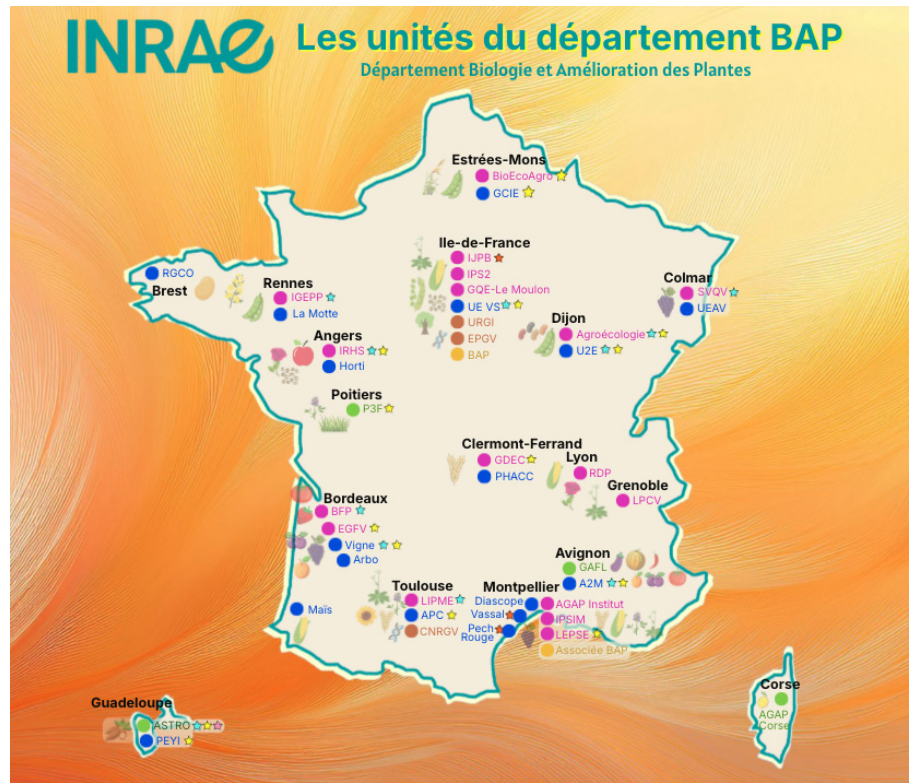
The aim of this theme is to describe the genetic diversity of model or cultivated species and their relatives, to characterise the polymorphisms that shape phenotypes and their evolutionary dynamics. Knowledge and understanding of this diversity enables it to be exploited for the production of innovative genetic material using high-throughput biology, genome-wide selection approaches and biotechnologies.

Les dispositifs

➤ **43 unités** dont

- 17 unités mixtes de recherche
- 4 unités propres de recherche
- 17 unités expérimentales
- 3 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
- **GAFI** - 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 Ressources 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).



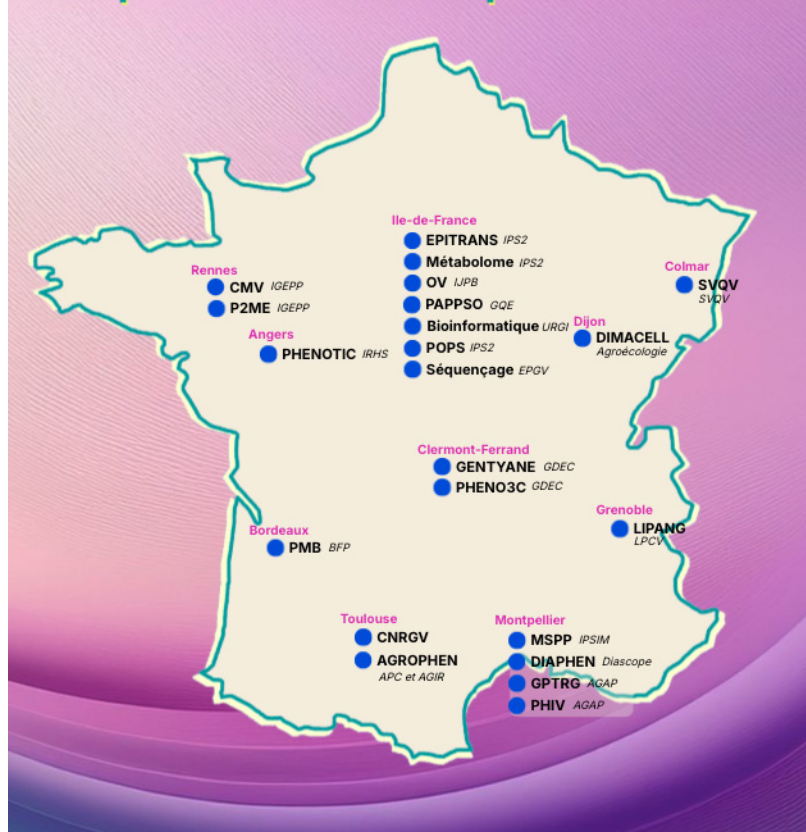
26 Plateformes

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

- **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
- **Métabolome IPS2**
UMR IPS2 - Centre IdF - Versailles-Saclay
- **MSPP** - Mass Spectrometry Proteomic Platform
UMR IPSIM - Centre Occitanie-Montpellier
- **OV** - Observatoire du Végétal
UMR IJPB - Centre IdF - Versailles-Saclay
 - OV - Biochimie
 - OV - Chimie-métabolisme
 - OV - Culture Plantes
 - OV - Cytologie et imagerie végétale
 - OV - Phénoscope
- **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
- **URGI** - Plateforme de Bioinformatique des Plantes
US URGI - Centre IdF - Versailles-Saclay
- **PMB** - Plateforme métabolomique Bordeaux
UMR BFP - Centre Nouvelle-Aquitaine Bordeaux
- **POPS** - Transcriptomique 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 - Centre Grand Est - Colmar

Les plateformes du département BAP



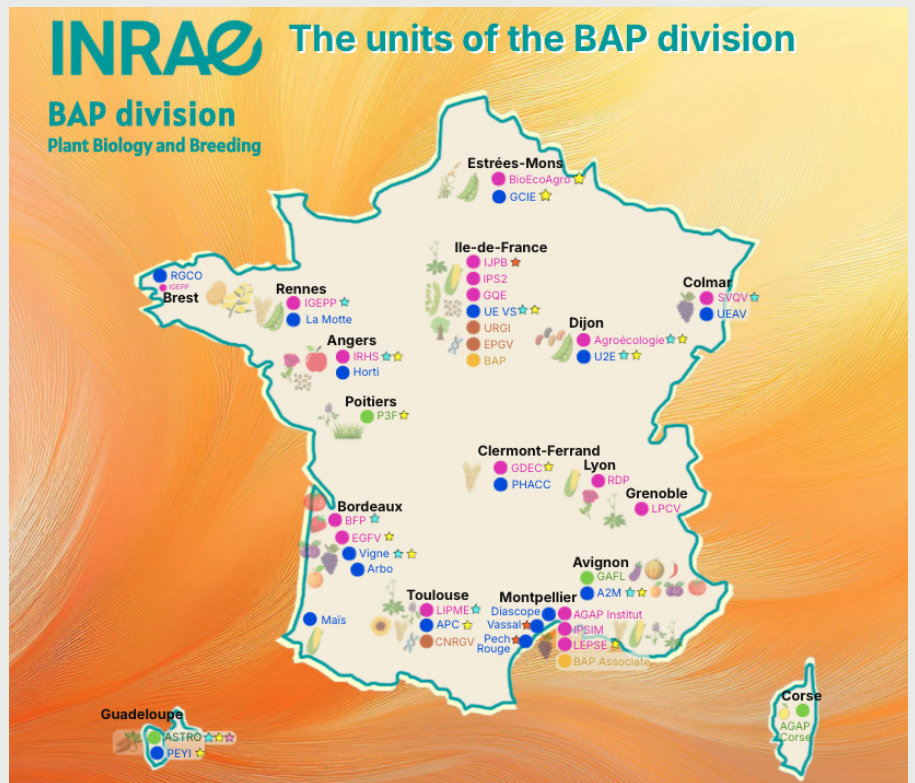
Plateformes de phénotypage

- **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 Imagerie cellulaire Végétale
UMR AGAP et B&PMP - Centre Occitanie-Montpellier

Devices

- **43 units** including
 - 17 joint research units
 - 4 own research units
 - 17 experimental units
 - 3 service units
 - 2 research support units

- **A2M** - Mediterranean Arboriculture and Market Gardening
- **AGAP - Corse** - Genetic Improvement and Adaptation of Mediterranean and Tropical Plants
- **AGAP Institut** - Genetic Improvement and Adaptation of Mediterranean and Tropical Plants
- **Agroécologie** - Unit Agroecologie
- **APC** - Agroecology and Crop Phenotyping
- **ARBO** - Arboriculture Experimental Unit
- **ASTRO** - Tropical AgroSystems
- **BAP** - Plant Biology and Breeding
- **BFP** - Biologie du Fruit et Pathologie
- **BioEcoAgro** - Cross-border BioEcoAgro Unit
- **CNRGV** - French Plant Genomic Resources Center
- **DiaScope** - DiaScope - Melgueil Experimental Unit
- **EGFV** - Ecophysiology and Functional Genomics of the Grapevine
- **EPGV** - Study of Plant Genome Polymorphism
- **GAFI** - Genetics and Improvement of Fruits and Vegetables
- **GCIE** - Field Crops Innovation Environment Experimental Unit
- **GDEC** - Genetics, Diversity and Ecophysiology of Cereals
- **GQE-Le Moulon** - Quantitative Genetics and Evolution - Le Moulon
- **HORTI** - Horticultural Experimental Unit
- **IGEPP** - Institute of Genetics, Environment, and Plant Protections
- **IJPB** - Institute Jean-Pierre Bourgin for Plant Sciences
- **IPS2** - Institut of Plant Sciences Paris Saclay

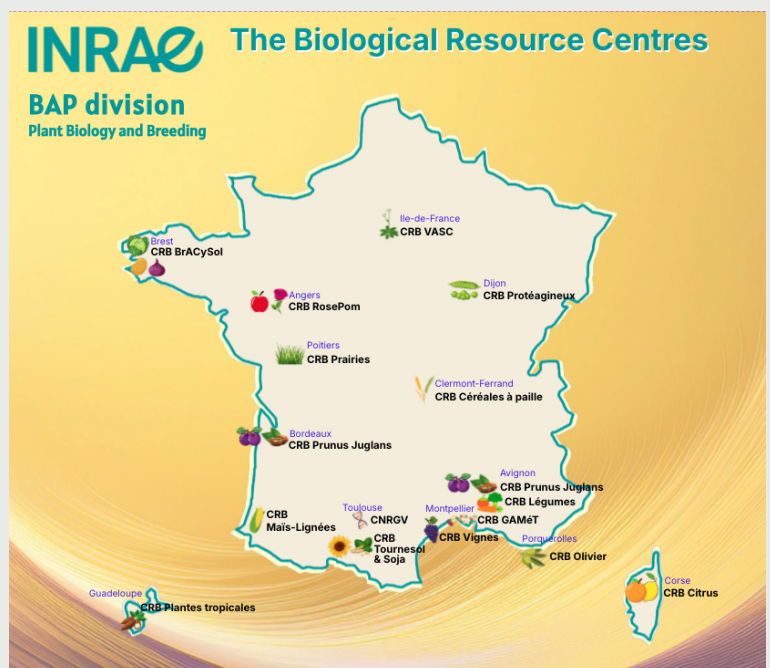


- **IPSiM** - Institute for Plant Sciences of Montpellier
- **IRHS** - Institute of Research in Horticulture and Seeds
- **La Motte** - La Motte
- **LEPSE** - Laboratory for Plant Ecophysiology under Environmental Stress
- **LIPME** - Laboratory of Plants Microbes and Environment Interactions
- **LPCV** - Cell & Plant Physiology Laboratory
- **Maïs** - Experimental Unit on Maize
- **P3F** - Multidisciplinary Grasslands and Forage Crops Fourragères
- **Pech Rouge** - Pech Rouge
- **PEYI** - Experimental Unit for Plants and Innovative Agrosystems
- **PHACC** - Field Phenotyping of Cereals Experimental Unit
- **RDV** - Plant Reproduction and Development Laboratory
- **RGCO** - Experimental Unit on Plant Genetic Resources in Oceanic Conditions
- **SVQV** - Vine Health and Wine Quality
- **U2E** - Epouisses Experimental Unit
- **UE VIGNE BORDEAUX** - Wine Experimental Unit
- **UE VS** - Versailles Saclay Experimental Unit
- **UEAV** - Colmar Agronomic and Viticultural Experimental Unit
- **URGI** - Genomics-Info Resources Unit
- **VASSAL** - Vassal Experimental Unit

- **Biological Resource Centres (BRC)**
 - 15 plant collections
 - 1 gene collection

These devices store and manage genetic resource collections ex situ for the purposes of heritage conservation, research and innovation.

The 16 BRC under the supervision of the BAP-INRAE Division, either independently or jointly with partners (CIRAD, CNBP), form the ISC-INRAE of plant BRC. They are part of the BRC of the plant pillar of the RARE Research Infrastructure, along with 5 BRC under other supervision (IRD, ESA, CIRAD, Et. Vanille de Tahiti).

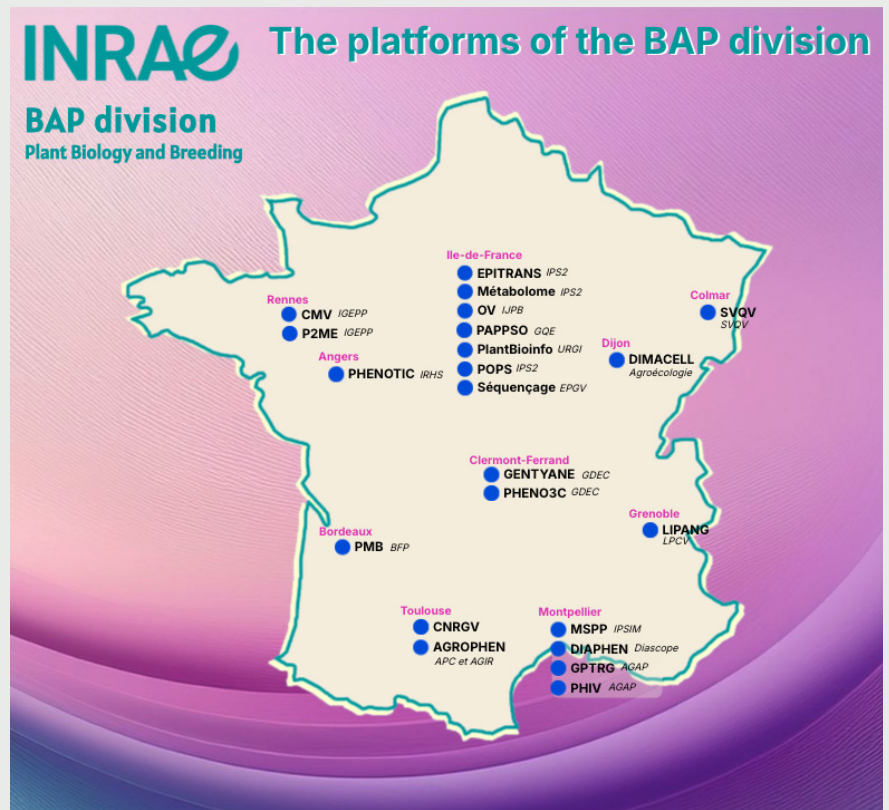


26 Platforms

These devices provide services in genomics, epigenomics, cytogenetics, transcriptomics, proteomics, metabolomics, cytology, imaging, mutant collections, and phenotyping under controlled conditions, from molecules to whole plants.

Technology platforms

- **CMV** - Plateforme de cytogénétique moléculaire végétale
IGEPP Unit - Centre Bretagne-Normandie
- **CNRGV** - French plant genomic resources center
CNRGV Unit - Centre Occitanie-Toulouse
- **EPITRANS** - Epigenomic and translational biology
IPS2 Unit - Centre IdF - Versailles-Saclay
- **GENTYANE** - GEnoTYpage and sequencing in Auvergne
GDEC Unit - Centre Clermont-Auvergne-Rhône-Alpes
- **LIPANG** - Lipid ANalysis in Grenoble
LPCV Unit - Centre Lyon-Grenoble Auvergne-Rhône-Alpes
- **Metabolism-Metabolome IPS2**
IPS2 Unit - Centre IdF - Versailles-Saclay
- **MSPP** - Mass Spectrometry Proteomic Platform
IPSIM Unit - Centre Occitanie-Montpellier
- **OV - Plant Observatory**
IJPB Unit - Centre IdF - Versailles-Saclay
 - OV - Biochemistry
 - OV - Chemistry and metabolomics
 - OV - Plant facilities
 - OV - Imaging and cytology
 - OV - Phenoscope
- **P2M2** - Metabolic Profiling and Metabolomic Platform
IGEPP Unit - Centre Bretagne-Normandie
- **PAPPSO** - Paris Sud-Ouest quantitative proteomics platform
GQE Le Moulon Unit - Centre IdF - Versailles-Saclay
- **URGI** - Plant bioinformatics facility
URGI Unit - Centre IdF - Versailles-Saclay
- **PMB** - Bordeaux metabolome facility
BFP Unit - Centre Nouvelle-Aquitaine Bordeaux
- **POPS** - Paris-Saclay transcriptomic platform
IPS2 Unit - Centre IdF - Versailles-Saclay
- **Sequencing, genotyping**
EPGV Unit - Centre IdF - Versailles-Saclay
- **SVQV analytical platform**
SVQV Unit - Centre Grand Est - Colmar



Phenotyping platforms

- **AGROPHEN** - Technical installation for phenotyping in the open field
APC & AGIR Units - Centre Occitanie-Toulouse
- **DIAPHEN** - Non-destructive instrumented phenotyping in the field
Diascope Unit - Centre Occitanie-Montpellier
- **DIMACELL** - Cell imaging platform
Agroécologie Unit - Centre Bourgogne-Franche-Comté
- **GPTRG** - Regional genotyping technology platform
AGAP Institut Unit - Centre Occitanie-Montpellier
- **Phéno3C** - Phenotyping in the field under climatic constraint
GDEC & PHACC Units - Centre Clermont-Auvergne-Rhône-Alpes
- **Phénotic** - Seeds and plants instrumentation and imaging platform
IRHS Unit - Centre Pays de la Loire
- **PHIV** - Plant histocytology and cell imaging platform
AGAP & B&PMP Units - Centre Occitanie-Montpellier

Faits marquants 2025

Highlights 2025

Dispositifs

Devices



Laboratoire International Associé 'LIA Wheat Genomics 2' France-Chine

Le LIA Wheat Genomics 2 sera consacré à la génomique et à l'amélioration du blé, portant plus exactement sur la sélection de variétés plus résilientes aux stress climatiques, en s'appuyant sur des approches combinées de génétique, de phénotypage et de modélisation, priorités de recherche de ce LIA également lancé en 2019.

France-China International Associated Laboratory 'LIA Wheat Genomics 2' France-China

LIA Wheat Genomics 2 will focus on wheat genomics and improvement, specifically on selecting varieties that are more resilient to climate stress, using combined approaches involving genetics, phenotyping, and modeling, which are also the research priorities of this LIA, which was also launched in 2019.



Unité GDEC
Centre INRAE Clermont-Auvergne-Rhône-Alpes

[Actualité INRAE >>>](#)



Laboratoire International Associé 'LIA WheatACE' France-Nouvelles-Zélande

Signature d'un nouveau Laboratoire International Associé (LIA), WheatACE, consacré à l'adaptation du blé aux conditions climatiques extrêmes, signé par INRAE et l'université du Queensland. Les chercheurs étudieront les interactions entre l'environnement et la génétique des plantes, pour mieux augmenter le rendement du blé tout en assurant sa stabilité dans des environnements variables sous l'effet du changement climatique.

LIA WheatACE International Joint Laboratory France-New Zealand

Signing of a new International Associated Laboratory (LIA), WheatACE, dedicated to adapting wheat to extreme climatic conditions, signed by INRAE and the University of Queensland. Researchers will study the interactions between the environment and plant genetics to improve wheat yields while ensuring its stability in environments affected by climate change.



Unité GDEC
Centre INRAE Clermont-Auvergne-Rhône-Alpes

[Actualité INRAE >>>](#)



Lancement de la Chaire Olivier de Serres : une chaire mécénale sur l'adaptation de la viticulture au changement climatique

L'objectif de cette Chaire est d'étudier les impacts et de réfléchir avec les acteurs à des stratégies d'adaptation au vignoble. Elle a été montée dans le cadre de l'Institut des Sciences de la Vigne et du Vin et est gérée par la Fondation Bordeaux Université. Dirigée par Nathalie Ollat, elle repose sur le partenariat financier et opérationnel des 9 Premiers Grands Crus Classés du vignoble bordelais, pour un budget de 1,5 M€ sur 5 ans. Trois axes de recherches ont été définis : (i) Étude du continuum sol-plante-atmosphère afin de mieux comprendre son rôle dans la réponse de la vigne à la contrainte hydrique ; (ii) Effets des multistress et des extrêmes thermiques sur la composition des raisins, afin d'identifier des marqueurs d'état qui pourraient être utilisés dans des processus de sélection ou pour mieux orienter les pratiques de vinification en fonction de la composition de la matière première ; (iii) Co-construire des stratégies d'adaptation pour les propriétés des mécénes.

Launch of the Olivier de Serres Chair: a sponsored chair on adapting viticulture to climate change

The aim of this Chair is to study the impacts and work with stakeholders to develop adaptation strategies for vineyards. It was set up as part of the Institute of Vine and Wine Sciences and is managed by the Bordeaux University Foundation. Led by Nathalie Ollat, it is based on a financial and operational partnership between the nine Premiers Grands Crus Classés of the Bordeaux vineyards, with a budget of €1.5 million over five years. Three areas of research have been defined: (i) Study of the soil-plant-atmosphere continuum to better understand its role in the vine's response to water stress; (ii) Effects of multi-stress



Contact: Nathalie Ollat
Unité EGFV
Centre INRAE Nouvelle-Aquitaine - Bordeaux

and extreme temperatures on grape composition, in order to identify markers that could be used in selection processes or to better guide winemaking practices based on the composition of the raw material; (iii) Co-developing adaptation strategies for the properties of the sponsors.



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 intraspécifique
- » Axe 1.3 - Comprendre et prédire l'expression des gènes et leur impact au niveau plante et peuplement

Manage, describe, and analyze genetic and epigenetic diversity to understand the functioning and adaptation of plants and plant populations

- » Axis 1.1 - Functional characterization of diversity
- » Axis 1.2 - Understanding the dynamics and adaptive role of intraspecific diversity
- » Axis 1.3 - Understanding and predicting gene expression and its impact at the plant and population levels

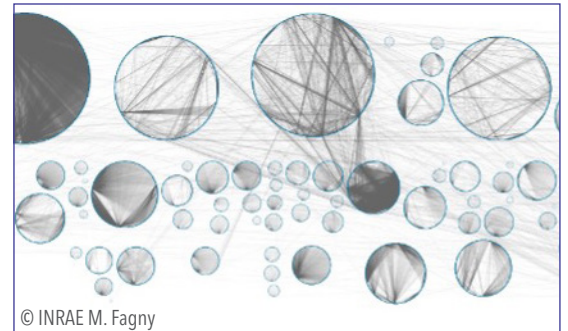


L'organisation des réseaux de régulation explique l'évolution et l'héritabilité des phénotypes complexes

The structure of gene regulatory networks explains how complex traits are inherited and evolve

De nombreux phénotypes sont déterminés par plusieurs loci, gènes ou éléments régulateurs. Inversement, un même locus influence souvent plusieurs phénotypes à la fois. Comment, malgré une importante pléiotropie, des mutations modifiant un phénotype complexe peuvent-elles être sélectionnées en réponse à l'environnement, sans affecter d'autres phénotypes essentiels ? Dans cette étude, l'importance de l'organisation de ces réseaux de régulation, constitués de nombreux modules de gènes très connectés entre eux, mais faiblement reliés au reste du réseau, et variable selon les tissus, a été démontrée chez l'humain. Cette organisation permet de cloisonner les effets des mutations, amplifiant son effet sur un processus biologique précis dans un tissu donné, tout en l'empêchant d'affecter d'autres processus ou d'autres tissus. Ce cadre conceptuel de l'architecture des phénotypes complexes permet de mieux comprendre leur évolution. L'objectif est, maintenant, de le transférer aux plantes cultivées.

Many phenotypes are determined by multiple loci, genes, or regulatory elements. Conversely, a single locus often influences several phenotypes simultaneously. How, despite extensive pleiotropy, can mutations altering a complex phenotype be selected in response to the environment without affecting other essential phenotypes? In this study, we showed that the structure of these regulatory networks, which consist of numerous highly interconnected gene modules that are weakly linked to the rest of the network and vary across tissues, is important. This structure compartmentalizes the effects of mutations, amplifying their impact on a specific biological process in a given tissue while buffering its impact on other processes or tissues. This conceptual framework for the architecture of complex phenotypes enhances our understanding of their evolution. The goal now is to transfer it to cultivated plants.



© INRAE M. Fagny

Publication: *Molecular Biology and Evolution*
doi.org/10.1093/molbev/msaf174

Contact: Maud Fagny
Unité GOE- Le Moulon
Centre INRAE Île-de-France - Versailles-Saclay

Mots clés : Héritabilité - Adaptation - Réseaux de régulation - Sélection polygénique
Keywords: Inheritance - Adaptation - Gene regulatory networks - Polygenic selection

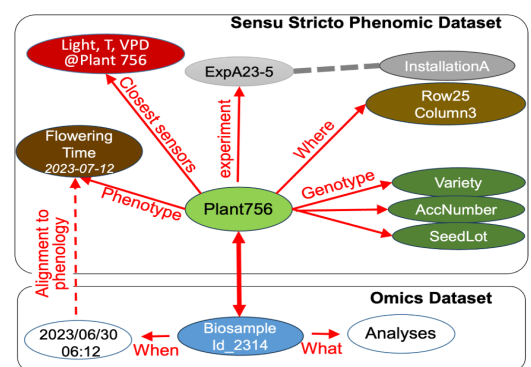


Réévaluation dans le cadre de l'Open Science internationale de la gestion de données de phénotypage de plus en plus complexes

Reassessing data management in increasingly complex phenotypic datasets for international open science

Les données de phénologie végétale sont de plus en plus riches et hétérogènes. Leur gestion oscille entre deux objectifs, faciliter l'analyse des données et/ou permettre leur réutilisation. Ces objectifs, en partie incompatibles, aboutissent à des jeux de données, des standardisations et des outils différents. Des jeux de données synthétiques, sous forme de tableaux, servent à l'analyse et accompagnent les publications académiques, mais entraînent une perte massive d'information. La réutilisation des données par d'autres disciplines nécessite des outils dédiés en amont des tableaux, comme PHIS développé par l'infrastructure française Phenome-Emphasis. Ils organisent les données en graphes, mais ne permettent pas de les analyser directement. Ces deux types de jeux de données sont donc appelés à cohabiter, nécessitant des standardisations communes. Cet article, sélectionné par Trends in Plant Science pour un numéro spécial 'Big concepts, shaping the future of plant science', est fondateur pour les infrastructures européennes EMPHASIS et ELIXIR ainsi que pour des collaborations internationales impliquant entre autres le NARO, Japon.

Phenotypic datasets are increasingly rich and heterogeneous. Their management navigates between two objectives, facilitate data analysis and/or allow data reuse. These objectives, partly incompatible, involve different types of datasets, standardization and computer tools. Synthetic datasets, organized as tables, are used for data analysis and are associated with academic papers but involve a massive loss of information. Data reuse by scientists of other disciplines requires dedicated computer tools, upstream of tables, such as PHIS developed by the French infrastructure Phenome Emphasis. They organize data in graphs, but do not allow direct data analysis. These two categories of datasets therefore need to coexist and share common standardization rules. This paper was selected by Trends in Plant Science for a special issue 'Big concepts, shaping the future of plant science', and is foundational for the French infrastructure Phenome.Emphasis.fr and the European infrastructures EMPHASIS et ELIXIR plants as well as international collaborations involving NARO Japan among others.



Publication: *Trends in Plant Science*
doi.org/10.1016/j.tplants.2025.09.001

Contacts: Cyril Pommier, François Tardieu, Isabelle Alic
Unités URGI, LEPSE, MISTEA
Centre INRAE Île-de-France - Versailles-Saclay
Centre INRAE Occitanie-Montpellier

Mots clés : Phénotypage - Gestion de données - Ontologies - Systèmes d'informations - Plantes - Sciences ouvertes
Keywords: Phenotyping - Data management - Ontologies - Information System - Plants - Open sciences

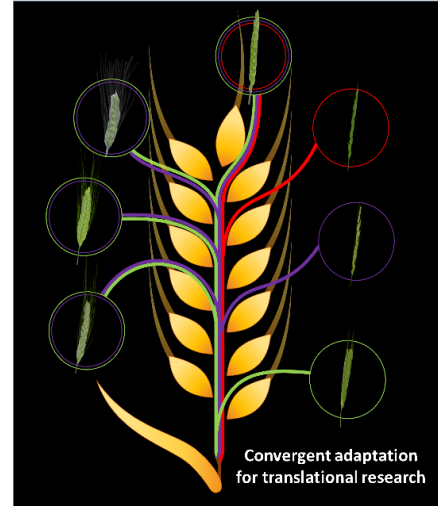


La convergence d'adaptation passée entre espèces pour l'amélioration variétale

Past inter-crop adaptation convergence for breeding

La recherche translationnelle inter-espèces pour la sélection variétale propose d'exploiter aujourd'hui, dans les programmes de sélection, les empreintes génomiques passées fixées conjointement entre espèces pendant 10 000 ans de domestication et de sélection, correspondant à des facteurs d'adaptation locale aux contraintes paleo-environnementales. La preuve de concept a été faite chez les céréales par la comparaison de 1 420 accessions modernes couvrant la diversité génétique mondiale actuelle du blé et de l'orge, mais aussi par l'étude de reste archéobotanique de blé ancien, délivrant des connaissances et des ressources pour l'exploitation d'une nouvelle diversité génétique d'intérêt pour la sélection moderne de variétés tolérantes à la sécheresse dans le contexte du changement climatique. La recherche translationnelle inter-espèces pour la sélection peut être ainsi appliquée à d'autres familles botaniques d'intérêt agronomique chez les plantes, mais aussi pour la sélection des animaux d'élevage.

Inter-crop translational research for plant breeding proposes to leverage, in current breeding programs, past genomic footprints fixed jointly between species over a period of 10,000 years during domestication and selection, corresponding to drivers of local adaptation to paleo-environmental constraints. Proof of concept was achieved through the comparison of 1 420 modern accessions covering the current global genetic diversity of wheat and barley, but also through the study of archaeobotanical remains of ancient wheat, providing knowledge and resources for exploiting a novel genetic diversity of interest in modern breeding of drought-tolerant wheat varieties in the context of climate change. Inter-species translational research for selection can then be applied to other botanical families of agronomic interest in plants, but also for the selection of livestock.



Publication: *Nature plants*
doi.org/10.1038/s41477-025-02128-0

Contact: Jérôme Salse
Unité GDEC
Centre INRAE Clermont-Auvergne-Rhône-Alpes

Mots clés : Adaptation - Evolution - Convergence - Translationnel
Keywords: Adaptation - Evolution - Convergence - Translational

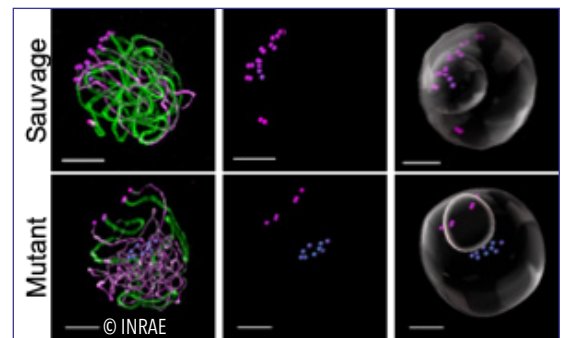


Identification du complexe protéique responsable de l'attachement des chromosomes à l'enveloppe nucléaire des méiocytes

Identification of the protein complex responsible for the attachment of chromosomes to the nuclear envelope of meocyte

La reproduction sexuée est une source majeure de diversité génétique, au cours de laquelle les chromosomes homologues (parentaux) sont alternativement associés (fécondation), puis séparés (méiose). Pour que la séparation des chromosomes en méiose soit équilibrée, les chromosomes doivent se reconnaître et s'associer en paires (bivalents). Toute perturbation de cette association peut provoquer des problèmes de stérilité ou des anomalies chromosomiques majeures. La formation des bivalents s'accompagne d'une dynamique chromosomique caractéristique, impliquant leur ancrage à l'enveloppe nucléaire et des mouvements intenses au sein du nucléoplasme. Le complexe protéique transmembranaire qui permet cet accrochage des chromosomes à l'enveloppe nucléaire a été identifié chez *Arabidopsis thaliana*. Cette étude confirme *A. thaliana* comme un modèle de choix pour étudier les mécanismes de reconnaissance des chromosomes au cours de la méiose.

Sexual reproduction is a major source of genetic diversity, during which homologous (parental) chromosomes are alternately associated (fertilization) and then separated (meiosis). For the separation of chromosomes in meiosis to be balanced, the chromosomes must recognize each other and associate in pairs (bivalent). Any disruption to this association can lead to infertility or major chromosomal abnormalities. The formation of bivalents is associated with very specific chromosome dynamics that include their attachment to the nuclear envelope and drastic movements within the nucleoplasm. The transmembrane protein complex that enables chromosomes to attach to the nuclear envelope has been identified in *Arabidopsis thaliana*. This study confirms *A. thaliana* as a model of choice for studying chromosome recognition mechanisms during meiosis.



Publication: *Nature Plants*
doi.org/10.1038/s41477-025-02043-4

Contact: Mathilde Grelon
Unité IJPB
Centre INRAE Île-de-France - Versailles-Saclay

Mots clés : Reproduction des plantes - Génétique, Recombinaison - Méiose - Recherche Fondamentale
Keywords: Plant reproduction - Genetics - Recombination - Meiosis - Basic Research

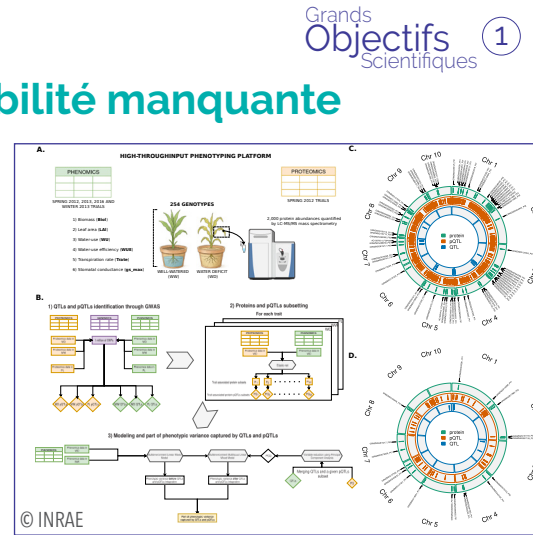


Des approches pour capturer de l'héritabilité manquante

Approaches to capture missing heritability

Une étude de génétique d'association (GWAS) est une approche statistique pour identifier des régions génomiques en relation avec un phénotype. Dans cette étude, il a tout d'abord été montré qu'une GWAS effectuée sur la réponse du phénotype entre 2 environnements permet de trouver de nouvelles régions génomiques associées au phénotype. Comme il existe plusieurs définitions de la réponse d'un phénotype entre 2 environnements, nous avons évalué leur capacité pour identifier de nouvelles régions génomiques en relation avec un phénotype. Enfin dans un troisième projet, une approche intégrant des données protéomiques a été mise au point dans une GWAS afin d'identifier de nouvelles régions associées au phénotype étudié. Ce travail a donné lieu à une communication lors une conférence internationale.

A genome-wide association study (GWAS) is a statistical approach used to identify genomic regions associated with a phenotype. In this study, it was first shown that a GWAS performed on the phenotype response between two environments can identify new genomic regions associated with the phenotype. As there are several definitions of the response of a phenotype between two environments, we evaluated their ability to identify new genomic regions related to a phenotype. Finally, in a third project, an approach integrating proteomic data was developed in a GWAS to identify new regions associated with the phenotype studied. This work was presented at an international conference.



Publication:

Theor Appl Genet: doi.org/10.1007/s00122-023-04458-z
J. of Experimental Botany: doi.org/10.1093/jxb/eraf013

Contact: Marie-Laure Martin

Unités IPS2, MIA-Paris-Saclay, GQE Le Moulon
Centre INRAE Île-de-France - Versailles-Saclay

Mots clés : Étude d'association génétique - Plasticité - Intégration de données omique

Keywords: Genetic association study - Plasticity - Integration of omic data



L'annotation complète des gènes des récepteurs olfactifs et gustatifs et des éléments transposables a révélé leur dynamique évolutive chez les pucerons

Comprehensive annotation of olfactory and gustatory receptor genes and transposable elements revealed their evolutionary dynamics in aphids

Cette étude explore comment la duplication génique et les éléments transposables (ET) contribuent à l'adaptation des pucerons, insectes ravageurs dont les gènes olfactifs (RO) et gustatifs (RG) déterminent la reconnaissance des plantes hôtes. L'analyse de plus de 900 gènes (RO et RG) dans 12 espèces met en évidence que les pucerons à large gamme d'hôtes présentent des taux d'évolution accrus, avec une expansion de gènes liés à l'immunité, au métabolisme lipidique et à l'activité transposase. Les RO et RG ont évolué par duplications rapprochées sous l'effet d'une sélection diversifiante, suivie d'une sélection purificatrice. Les ET récents, enrichis à proximité des RO, semblent avoir favorisé leur diversification mais au détriment de leur fonctionnalité, tandis que les RG associés aux ET montrent des signatures d'adaptation conservée. L'étude propose ainsi un modèle où les ET stimulent l'innovation fonctionnelle tout en modulant les contraintes évolutives, et elle fournit le premier génome complet de *Dysaphis plantaginea*.

This study explores how gene duplication and transposable elements (TEs) contribute to the adaptation of aphids, insect pests whose olfactory (RO) and gustatory (RG) genes determine host plant recognition. Analysis of more than 900 genes (OR and GR) in 12 species shows that aphids with a wide host range have increased rates of evolution, with expansion of genes related to immunity, lipid metabolism, and transposase activity. RO and RG genes evolved through rapid duplication under the effect of diversifying selection, followed by purifying selection. Recent TEs, enriched in proximity to ROs, appear to have promoted their diversification but at the expense of their functionality, while RGs associated with ETs show signs of conserved adaptation. The study thus proposes a model in which ETs stimulate functional innovation while modulating evolutionary constraints, and provides the first complete genome of *Dysaphis plantaginea*.



Publication: *Molecular Biology and Evolution*
doi.org/10.1093/molbev/msaf238

Contacts: Johann Confais, William Marande,
Amandine Cornille
Unités URGI, CNRGV, GQE-Le Moulon
Centre INRAE Île-de-France - Versailles-Saclay
Centre INRAE Occitanie-Toulouse

Mots clés : Insecte - Puceron - Adaptation - Chimio-réception - Spéciation - Élément transposable - Prédiction fonctionnelle in silico

Keywords: Insect - Aphid - Adaptation - Chemoreception - Speciation - Transposable elements - In silico functional prediction

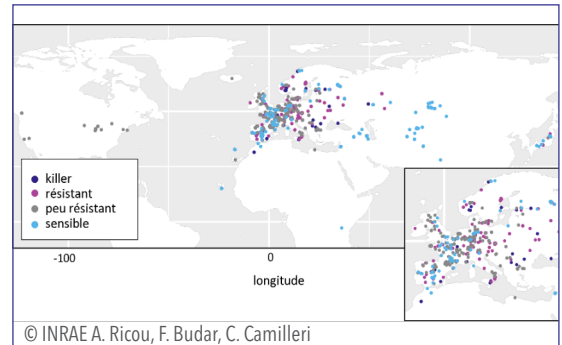


La diversité multi-échelle d'un pollen killer d'*Arabidopsis* révèle son histoire évolutive

The multi-scale diversity of an *Arabidopsis* pollen killer reveals its evolutionary history

Certains éléments génétiques sont dits égoïstes car ils favorisent leur propre transmission à la descendance lors de la reproduction. Ils sont très fréquents aussi bien chez les champignons que chez les plantes ou les animaux, et sont constitués chacun de deux ou trois gènes spécifiques. Comprendre comment ils apparaissent et se répandent dans les populations est un enjeu majeur en biologie évolutive. Un tel élément, appelé "pollen killer" car il cause la mort des grains de pollen qui ne le portent pas, a été identifié chez la plante modèle *Arabidopsis thaliana*. Les gènes impliqués ont été caractérisés, et leur diversité à l'échelle mondiale étudiée dans plus de 700 plantes d'*Arabidopsis*. Il a été montré que les gènes constituant ce pollen killer sont apparus et ont évolué au sein de l'espèce. De plus, des populations naturelles dans lesquelles ce pollen killer est potentiellement à l'œuvre ont été identifiées en France, ce qui constitue une ressource inestimable pour étudier son évolution dans la nature.

Certain genetic elements are said to be selfish because they favor their own transmission to offspring during reproduction. They are very common in fungi, plants, and animals, and each consists of two or three specific genes. Understanding how they appear and spread in populations is a major challenge in evolutionary biology. One such element, called a "pollen killer" because it causes the death of pollen grains that do not carry it, has been identified in the model plant *Arabidopsis thaliana*. The genes involved have been characterized, and their diversity worldwide has been studied in more than 700 *Arabidopsis* plants. It has been shown that the genes constituting this pollen killer have appeared and evolved within the species. In addition, natural populations in which this pollen killer is potentially at work have been identified in France, providing an invaluable resource for studying its evolution in nature.



Publication: *PLoS Genet*

doi.org/10.1371/journal.pgen.1011451

Contact: Christine Camilleri

Unité IJPB

Centre INRAE Île-de-France - Versailles-Saclay

Mots clés : *Arabidopsis thaliana* - Diversité naturelle -

Populations locales - Distorsion de ségrégation - Pollen killer

Keywords: *Arabidopsis thaliana* - Natural diversity - Local populations - Segregation distortion - Pollen killer



Régulations épigénétiques chez la vigne

Epigenetic regulation in grapevine

Les régulations épigénétiques sont des déterminants clé de la diversité phénotypiques, de la résilience et de la plasticité des plantes pérennes. Mobilisant des approches de biologie intégrative, les recherches combinent analyses métabolomiques et transcriptomiques à celles du méthylome, dans le but d'évaluer l'importance des mécanismes épigénétiques lors du développement chez la vigne et comme moteur de la plasticité phénotypique dans des populations clonales. L'analyse des méthylomes des tissus de la baie de raisin a révélé l'existence de signatures épigénétiques spécifiques de ces différents tissus, corrélées à l'expression de gènes impliqués dans l'accumulation des sucres, acides et composés phénoliques au cours du murissement. Par ailleurs l'existence d'épialèles du gène *MybA1* dont le niveau de méthylation diffère conditionne l'accumulation d'anthocyanes dans la pulpe des baies de raisin, tissu qui en est normalement dépourvu. Enfin l'application d'une carence en carbone sur à cellules de baies de raisin en culture, entraîne une reprogrammation coordonnée du transcriptome et du méthylome, soulignant le rôle central de l'épigénétique dans les réponses adaptatives de la plante à des environnements contraints.

Epigenetic regulations are considered key determinants of the phenotypic diversity, resilience, and plasticity of perennial plants. Using integrative biology approaches, the research combines metabolomic and transcriptomic analyses with methylome analyses to assess the importance of epigenetic mechanisms during development in grapevine and as a driver of phenotypic plasticity in clonal populations. Analysis of the methylomes of grape berry tissues revealed the existence of epigenetic signatures specific to berry tissues, correlated with the expression of genes involved in the accumulation of sugars, acids, and phenolic compounds during ripening. In addition, the methylation level of different epialles of the *MybA1* gene determine its expression and the accumulation of anthocyanins in the pulp of grapeberries. Finally, when carbon deficiency is applied to grapeberry cells in culture, the leads to a coordinated reprogramming of the transcriptome and methylome, highlighting the central role of epigenetics in the plant's adaptive responses to stressful environments.



Publications:

Plant Physiology: doi.org/10.1093/plphys/kiaf340

Horticulture Research: doi.org/10.1093/hr/uhaf238

J. of integrative plant Biology: doi.org/10.1111/jipb.13953

Horticulture Research: doi.org/10.1093/hr/uhaf277

Contact: Philippe Gallusci

Unité EGFV

Centre INRAE Nouvelle Aquitaine - Bordeaux

Mots clés : Vigne - Epigénétique - Méthylation de l'ADN -

Baie de raisin - Adaptation à l'environnement

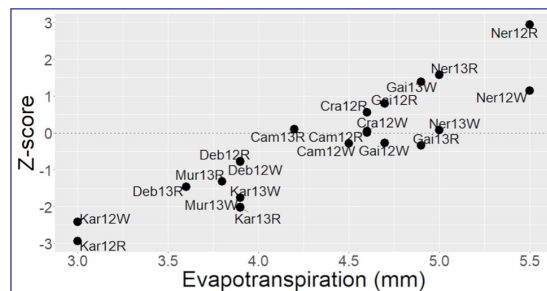
Keywords: Grapevine - Epigenetics - DNA methylation -

Grape berry - Adaptation to the environment

Étude des interactions Genotype x Environnement par méta-analyse Study of Genotype x Environment interactions through meta-analysis

Les analyses d'association (GWAS) permettent d'identifier les régions chromosomiques (QTL) liées à un caractère d'intérêt. L'application de la GWAS à des essais multi-environnements permet en outre de mesurer à quel point l'effet du QTL est modulé par l'environnement. Toutefois les GWAS multi-environnements sont complexes à réaliser, car elles doivent tenir compte de l'hétérogénéité des effets alléliques d'un environnement à l'autre. Dans la thèse d'Annaig de Walsche, des approches statistiques basées sur la méta-analyse ont été développées pour améliorer les performances des analyses multi-environnement. Les résultats montrent que nos approches réduisent les faux positifs et améliorent le temps de calcul par rapport aux méthodes classiques, et ont permis l'identification de nouveaux QTL candidats dans plusieurs cas d'application chez le maïs et le concombre notamment.

Genome-wide association studies (GWAS) enable the identification of chromosomal regions (QTLs) linked to a trait of interest. Applying GWAS to multi-environment trials also makes it possible to measure the extent to which the effect of the QTL is modulated by the environment. However, multi-environment GWAS are complex to perform because they must take into account the heterogeneity of allelic effects from one environment to another. In Annaig de Walsche's thesis, statistical approaches based on meta-analysis were developed to improve the performance of multi-environment analyses. The results show that our approaches reduce false positives and improve computation time compared to conventional methods, and have enabled the identification of new candidate QTLs in several applications, particularly in corn and cucumber.



Publications:

PLoS Genetics: doi.org/10.1371/journal.pgen.1011553

NAR Genomics and Bioinformatics: doi.org/10.1093/nargab/lqaf118

Contact: Tristan Mary-Huard

Unité GQE-Le Moulon

Centre INRAE Île-de-France - Versailles-Saclay

Mots clés : Interactions Gène x Environnement - Génétique d'association - Méta-Analyse

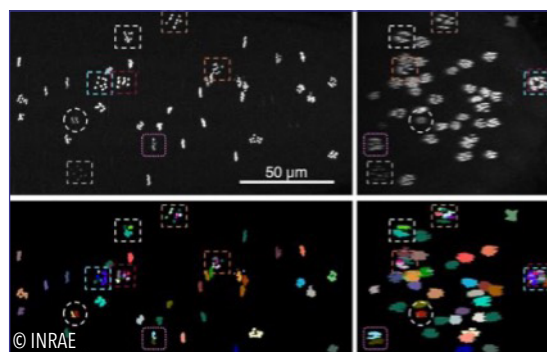
Keywords: Gene x Environment Interactions - Association Genetics - Meta-Analysis

Quantification semi-automatique des signaux de phosphorylation d'une histone impliquée dans la division cellulaire chez *Arabidopsis*

Semi-automated quantification of phosphorylation signals of a histone involved in cell division in *Arabidopsis*

La modification post-traductionnelle des histones est un processus majeur contrôlant de nombreux aspects de la division cellulaire. Ainsi, la ségrégation correcte des chromosomes pendant la mitose dépend de la phosphorylation de la sérine 10 de l'histone H3. L'étude décrite ici visait à caractériser précisément cette dynamique de phosphorylation dans les cellules végétales. Pour cela, un pipeline d'analyse d'images de microscopie 3D obtenues après immunomarquage de H3S10ph a été développé afin de quantifier de manière semi-automatique le niveau de H3S10ph dans les racines d'*Arabidopsis*. Ce nouvel outil a permis d'améliorer considérablement la précision et la puissance statistique et a révélé des différences subtiles dans les niveaux de H3S10ph entre les mutants affectés par l'activité de la phosphatase PP2A, suggérant un rôle indirect de la PP2A dans la régulation de la H3S10ph. Ce pipeline peut facilement être adapté pour analyser d'autres modifications des histones ou tout autre signal discret.

Post-translational modification of histones is a major process controlling many aspects of cell division. In particular, the correct segregation of chromosomes during mitosis relies on the phosphorylation of histone H3 at serine 10 (H3S10ph). The present study aimed at precisely characterising this phosphorylation dynamics in plant cells. A pipeline for analyzing 3D microscopy images obtained after immunolabeling of H3S10ph was developed to semi-automatically quantify the level of H3S10ph in *Arabidopsis* roots. A novel method for correcting the signal on the Z axis was also developed, based on direct measurement of object intensities. This approach allowed significant gains in accuracy and statistical power and enabled to reveal subtle differences in H3S10ph levels between mutants affected in PP2A phosphatase activity, suggesting an indirect role for PP2A in the regulation of H3S10ph. This pipeline can be readily adapted to analyze other histone modifications or any discrete signals.



Publication: *New Phytologist*
doi.org/10.1111/nph.70365

Contact: Martine Pastuglia

Unité IJPB

Centre INRAE Île-de-France - Versailles-Saclay

Mots clés : Biologie cellulaire - Analyse d'images 3D - Quantification de signaux en 3D

Keywords: Cell biology - 3D Image analysis - 3D signal quantification

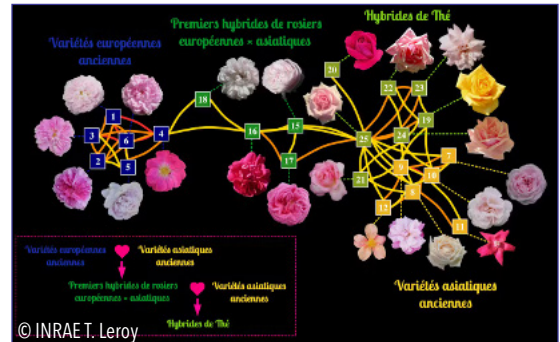


Making-of génomique de l'infusion des hybrides de thé parmi les rosiers du XIX^e siècle

Genomic making-of of the infusion of tea hybrids among 19th century roses

Le XIX^e siècle a été marqué par une intense activité de création variétale chez le rosier de jardin en Europe, dont l'histoire évolutive a été peu décrite au niveau génomique. Le phénotypage d'une trentaine de caractères combiné au génotypage de 68k SNPs sur >200 rosiers du XIX^e siècle et le génotypage de 32 variétés ont permis d'identifier les principaux caractères sélectionnés, de constater que le glissement du fond génétique européen ancien vers un fond génétique asiatique s'est accompagné d'une érosion génétique et d'identifier à l'échelle génomique des signatures de sélection et des signaux d'association avec plusieurs caractères. Ces résultats mettent en lumière le besoin de mieux conserver les ressources génétiques de rosiers anciens et donnent des pistes sur des régions génomiques d'intérêt en création variétale. Ce travail a donné lieu à un article scientifique recommandé par Peer Review in *Evolutionary Biology* et publié dans *Genetics* ainsi qu'à un article de vulgarisation publié dans *The Conversation France*.

The 19th century was characterised by intense breeding activity in garden roses in Europe, whose evolutionary history has been little described at the genomic level. Phenotyping of around 30 traits combined with genotyping of 68k SNPs on >200 19th century roses and genotyping of 32 varieties has made it possible to identify the main selected traits, showed that the shift from the ancient European genetic background to an Asian genetic background was accompanied by genetic erosion, and identified genomic signatures of selection and association signals with several traits. These results highlight the need for better conservation of the genetic resources of old garden roses and provide clues about genomic regions of interest in breeding. This work has resulted in a scientific article recommended by Peer Review in *Evolutionary Biology* and published in *Genetics*, as well as a popularization science article published in *The Conversation France*.



Publications: *Peer Community in Evolutionary Biology*
doi.org/10.24072/pci.evolbiol.100793
Genetics : doi.org/10.1093/genetics/iyaf163

Contact: Jérémy Clotault
Unité IRHS - Centre INRAE Pays de la Loire

Mots clés : Diversité génétique - Génomique - GWAS - Génétique quantitative - Sélection artificielle - Création variétale - Rosa

Keywords: Genetic diversity - Genomics - GWAS - Quantitative genetics - Artificial selection - Breeding - Rosa

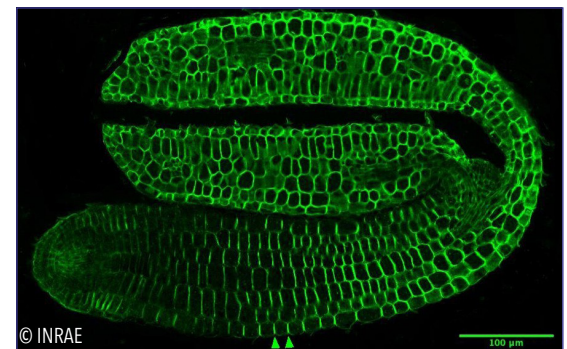


Le remodelage des xyloglucanes dans la paroi cellulaire joue un rôle essentiel dans la germination de la graine

Xyloglucan remodelling in cell wall plays a critical role in controlling seed germination

Le remodelage de la paroi végétale est un processus essentiel pour la croissance des plantes et, lors de la germination, il facilite l'émergence de la radicule à travers les tissus protecteurs. Chez *Arabidopsis*, les xyloglucanes, hémicelluloses majeures de la paroi, sont constitués de chaînes de glucose, ramifiées par du xylose, galactose et fucose. La perte de fonction de la xylosidase XYL1 facilite la germination en réduisant la dormance. Cet effet est lié à l'absence de clivage du xylose, à des défauts de localisation intracellulaire des xyloglucanes et à l'accumulation d'oligosaccharides libres oxydés. Ces molécules connues pour activer les défenses lors d'attaques par des pathogènes, peuvent aussi avoir des effets physiologiques délétères, d'où leur inactivation par des oxydases. Dans la graine, ces oligosaccharides libres contribuent au remodelage des xyloglucanes, mais un excès de formes oxydées perturberait le trafic intracellulaire et modifierait les propriétés mécaniques de la paroi, ainsi que les interactions entre la croissance de l'embryon et la résistance des tissus périphériques.

Plant cell wall remodeling is an essential process for plant growth. During seed germination, it also contributes to radicle emergence through protective surrounding tissues. Xyloglucans are the major hemicelluloses in the *Arabidopsis* cell wall and consist of glucose chains branched by xylose, galactose, and fucose. Mutant analysis has shown that the loss of function of the xylosidase XYL1 facilitates germination by reducing dormancy. The effect is specific to the absence of xylose cleavage and is correlated with defects in xyloglucan intracellular localization and accumulation of free oxidized oligosaccharides. Upon pathogen attack, release of oligosaccharides has been reported to activate defense mechanisms but also have deleterious physiological effects, hence their inactivation by oxidases. In the seed, free oligosaccharides are involved in xyloglucan remodeling, but the excess of oxidized molecules would perturb intracellular trafficking and modify cell wall mechanical properties and interactions between embryo growth and resistance of covering tissues.



Publication: *The Plant Journal*
doi.org/10.1111/tpj.70063

Contact: Annie Marion-Poll
Unité IJPB
Centre INRAE Île-de-France - Versailles-Saclay

Mots clés : Graine - Germination - Dormance - Paroi - Xyloglucane - Oligosaccharide

Keywords: Seed - Germination - Dormancy - Cell wall - Xyloglucan - Oligosaccharide

Stratégie d'accélération pour comprendre et maîtriser la tolérance à la dessiccation

A roadmap to advance desiccation tolerance understanding and accelerating translational applications

Dans un monde confronté au changement climatique, la capacité des organismes vivants à survivre à la perte d'eau (tolérance à la dessiccation) est une ressource inexploitée. Comprendre ce mécanisme est la clé pour assurer la résilience de nos systèmes alimentaires. Un consortium international et interdisciplinaire d'experts en plantes, microbes et invertébrés a été réuni pour développer un programme ambitieux sur la tolérance à la dessiccation. Cet effort collaboratif vise à dépasser les frontières disciplinaires pour répondre aux questions fondamentales de la survie sans eau. Ce consortium a pour but d'accélérer la vitesse à laquelle les découvertes fondamentales se transforment en outils pratiques. L'aboutissement de cette recherche aura des retombées directes en agriculture par l'ingénierie de cultures capables de prospérer avec moins d'eau, assurant la sécurité alimentaire et en améliorant les techniques de stockage des graines et des espèces menacées. Cette recherche promet des solutions durables pour répondre aux défis actuels et futurs.

In a world facing climate change, the ability of living organisms to survive water loss (drought tolerance) is an unexploited resource. Understanding this mechanism is key to ensuring the resilience of our food systems. An international and interdisciplinary consortium of experts in plants, microbes, and invertebrates has been assembled to develop an ambitious program on desiccation tolerance. This collaborative effort aims to transcend disciplinary boundaries to answer fundamental questions about survival without water. The consortium's goal is to accelerate the speed at which fundamental discoveries are transformed into practical tools. The outcome of this research will have direct benefits for agriculture through the engineering of crops capable of thriving with less water, ensuring food security, and improving storage techniques for seeds and endangered species. This research promises sustainable solutions to meet current and future challenges.



Publication: *Nature Communication*
doi.org/10.1038/s41467-025-58656-y

Contact: Jérôme Verdier
 Unité IRHS
 Centre INRAE Pays de la Loire

Mots clés : Tolérance à la dessiccation - Changement climatique - Sécurité alimentaire

Keywords: Desiccation tolerance - Climate change - Food security

Caractériser les particularités du métabolisme des acides gras dans l'albumen des Brassicacées

Understanding the specifics of fatty acid metabolism in the endosperm of Brassicaceae

Les graines de Brassicacées, qu'il s'agisse d'espèces sauvages ou cultivées, accumulent de l'huile dans l'embryon et l'albumen. L'émergence de techniques analytiques permettant d'étudier séparément les deux tissus montre que leur composition en acides gras diffère significativement. *Cakile maritima*, une Brassicacée halophyte sauvage, en offre un exemple frappant : la moitié des acides gras de l'albumen sont des monoinsaturés de type oméga-7, alors que ceux-ci sont à peine décelables dans l'embryon. Pour comprendre la fonction physiologique de cette régulation différenciée du métabolisme des acides gras dans les tissus zygotiques de la graine, des outils moléculaires ont été développés chez *Arabidopsis*. Ils permettent de modifier la composition en acides gras de l'albumen sans altérer celle de l'embryon. A terme, ils permettront de tester si les particularités de composition en acides gras de l'albumen influencent la physiologie et la résilience des semences face aux stress.

Brassicaceae seeds, whether wild or cultivated, accumulate oil in the embryo and endosperm. The emergence of analytical techniques that allow the two tissues to be studied separately shows that their fatty acid composition differs significantly. *Cakile maritima*, a wild halophyte Brassicaceae, offers a striking example: half of the fatty acids in the endosperm are omega-7 monounsaturated fatty acids, whereas these are barely detectable in the embryo. To understand the physiological function of this differentiated regulation of fatty acid metabolism in the zygotic tissues of the seed, molecular tools have been developed in *Arabidopsis*. These tools make it possible to modify the fatty acid composition of the endosperm without altering that of the embryo. Ultimately, they will make it possible to test whether the specific fatty acid composition of the endosperm influences the physiology and resilience of seeds in response to stress.



Publications:
Plant Journal: doi.org/10.1111/tpj.70038
J Exp Bot: doi.org/10.1093/jxb/erf314

Contact: Sébastien Baud
 Unité IJPB
 Centre INRAE Île-de-France - Versailles-Saclay

Mots clés : Brassicacées - Graine - Albumen - Acides gras - Huile végétale - Biodiversité chimique

Keywords: Brassicaceae - Seed - Endosperm - Fatty acid - Oil - Chemical biodiversity

L'amandier : une domestication unique au Moyen-Orient et l'architecture complexe de ses pools géniques

The almond tree: unique domestication in the Middle East and the complex architecture of its gene pools

Une étude récente, publiée dans *Evolutionary Applications*, a élucidé l'histoire évolutive de l'amandier (*Prunus dulcis*). Le génotypage de plus de 200 accessions d'amandes cultivées et sauvages, collectées à travers l'Eurasie, a été réalisé en utilisant des marqueurs microsatellites (SSR). L'analyse bayésienne de structuration génétique a permis d'identifier quatre lignées génétiques distinctes au sein du pool d'amandes cultivées : turque, caucasienne-centre-asiatique, sud-espagnole, et européenne/nord-américaine. Ces cultivars se distinguent nettement des espèces sauvages étudiées : *P. turcomanica*, *P. orientalis*, *P. fenzliana*, *P. spinosissima*. Un résultat remarquable : ces analyses désignent un événement de domestication unique au Moyen-Orient, potentiellement à partir de l'espèce *P. orientalis*. Cette conclusion contredit les hypothèses antérieures qui favorisaient *P. fenzliana*.

Based on microsatellite markers, over 200 wild and cultivated almond accessions across Eurasia were used to reconstruct almond domestication. Bayesian clustering revealed four genetically distinct groups of cultivated almonds: Turkish, Caucasian-Central Asian, Southern Spanish, and European/North American. These cultivated groups were clearly differentiated from the wild species (*P. turcomanica*, *P. orientalis*, *P. fenzliana*, *P. spinosissima*) while Approximate Bayesian Computation (ABC) supports a single domestication event in the Middle East from the *P. orientalis* species. This result is in contradiction with previous studies that proposed *P. fenzliana* as the progenitor of crop almonds. After domestication, subsequent gene flow occurred from other wild relatives (*P. fenzliana* and *P. spinosissima*) into the Turkish and Central Asian cultivated pools, respectively. Finally, reciprocal introgression from cultivated almonds back into wild populations was also inferred.



© INRAE V. Decroocq

Publication: *Evolutionary Applications*
doi.org/10.1111/eva.70150

Contact: Véronique Decroocq
Unité BFP
Centre INRAE Nouvelle Aquitaine - Bordeaux

Mots clés : Arbres fruitiers - Domestication - Espèces sauvages - Bassin méditerranéen

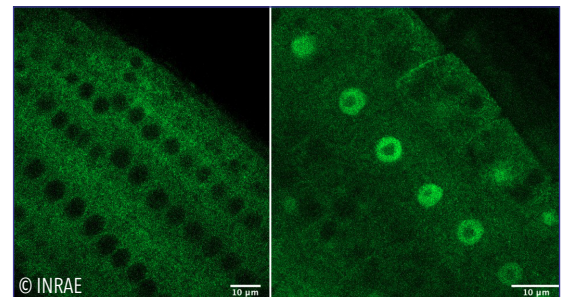
Keywords: Fruit trees - Domestication - Wild species - Mediterranean basin

Rôle essentiel de la protéine navette SGS3 dans l'inactivation des gènes chez la plante *Arabidopsis thaliana*

Essential role of the SGS3 shuttle protein in gene silencing in the plant *Arabidopsis thaliana*

Les cellules éliminent sélectivement les ARN aberrants par un mécanisme de contrôle qualité. Lorsque ce mécanisme est défaillant, par exemple lors d'infections virales, les ARN aberrants s'engagent dans la voie du RNA silencing (RNAi) en produisant des petits ARN interférents (siRNA) qui conduisent à la dégradation de milliers d'ARN messager. La façon dont les ARN aberrants sont sélectionnés dans le noyau de la cellule et amenés à la machinerie du RNAi dans le cytoplasme restait mystérieuse. Cette étude montre que la protéine SGS3 navigue entre le noyau et le cytoplasme. Dans le noyau, elle interagit avec le facteur de remodelage de la chromatine CHR11 et se lie aux ARN aberrants tandis que dans le cytoplasme elle interagit avec l'ARN polymérase RDR6. Cette étude a permis d'élaborer un modèle dans lequel SGS3 prend en charge les ARN aberrants transcrits dans le noyau par les gènes qui fixent CHR11 et les exporte dans le cytoplasme où ils sont transformés en siRNA via l'action de RDR6.

Cells selectively eliminate aberrant RNAs through a quality control mechanism. When this mechanism fails, for example during viral infections, aberrant RNAs enter the RNA silencing (RNAi) pathway, producing small interfering RNAs (siRNAs) that lead to the degradation of thousands of messenger RNAs. How aberrant RNAs are selected in the cell nucleus and transported to the RNAi machinery in the cytoplasm remained a mystery. This study shows that the SGS3 protein navigates between the nucleus and the cytoplasm. In the nucleus, it interacts with the chromatin remodeling factor CHR11 and binds to aberrant RNAs, while in the cytoplasm it interacts with RNA polymerase RDR6. This study has led to the development of a model in which SGS3 takes charge of aberrant RNAs transcribed in the nucleus by genes that bind CHR11 and exports them to the cytoplasm, where they are converted into siRNA via the action of RDR6.



© INRAE

Publication: *Nature Communications*
doi.org/10.1038/s41467-025-57394-5

Contact: Hervé Vaucheret
Unité IJPB
Centre INRAE Île-de-France - Versailles-Saclay

Mots clés : Interférence ARN - Contrôle qualité de l'ARN - Virus - Transgènes

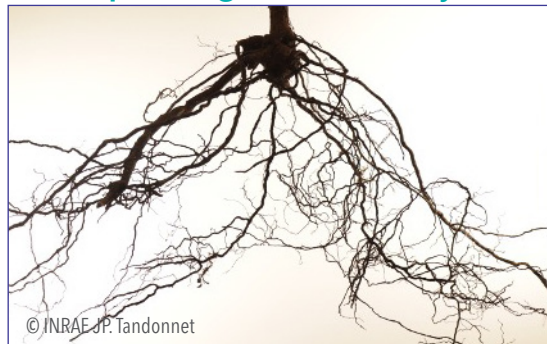
Keywords: RNA interference - RNA quality control - Viruses - Transgenes

Quoi de neuf sous terre : mieux comprendre et exploiter la diversité de traits racinaires chez la vigne pour faire face à la sécheresse

What's new underground: better understanding and exploiting the diversity of root traits in vines to cope with drought

Un éclairage nouveau sur le rôle du système racinaire dans la tolérance à la sécheresse chez la vigne a été apporté par trois études récentes. Ces travaux ont mis en évidence une grande diversité d'architecture racinaire chez différentes espèces de *Vitis*, qui peuvent alors constituer des réservoirs de gènes intéressants pour l'innovation variétale. Ils ont aussi permis d'identifier des processus clés impliqués dans la mise en place du système racinaire. Ces nouvelles connaissances seront intégrées aux futures démarches de sélection de porte-greffes et permettront d'optimiser les pratiques de plantation. Ces avancées, permises entre autres par le développement de démarches de modélisation, contribuent à l'identification d'idéotypes racinaires mieux adaptés à la sécheresse.

Three recent studies have shed new light on the role of the root system in drought tolerance in grapevines. This research has highlighted a wide diversity of root architecture in different *Vitis* species, which could then constitute reservoirs of genes of interest for varietal innovation. It has also identified key processes involved in the establishment of the root system. This new knowledge will be incorporated into future rootstock selection efforts and will help optimize planting practices. These advances, made possible in part by the development of modeling approaches, contribute to the identification of root ideotypes that are better adapted to drought.



© INRAE J.P. Tandonnet

Publications:

J. Exp Bot: doi.org/10.1093/jxb/eraf006

OENO One: doi.org/10.20870/oeno-one.2025.59.1.8226

Plant Stress: doi.org/10.1016/j.stress.2025.100964

Contact: Marina de Miguel

Unité EGFV

Centre INRAE Nouvelle Aquitaine - Bordeaux

Mots clés : Adaptation - Système racinaire - Porte-greffe - Amélioration génétique - Viticulture - Déficit hydrique

Keywords: Adaptation - Root system - Rootstock - Genetic improvement - Viticulture - Water deficit



© CREA L. Toppino

Contact: Véronique Lefebvre
Unité GAFL
Centre INRAE Provence-Alpes-
Côte d'Azur

Publication:
Nature Communications
doi.org/10.1038/s41467-025-
64866-1

[Lire le communiqué >>>](#)

Une équipe internationale dévoile le pangénome et le panphénome de l'aubergine

L'analyse d'une vaste collection mondiale de 3 400 accessions d'aubergine et de leurs ancêtres sauvages a permis de retracer l'histoire de sa domestication en Inde et en Asie du Sud-Est, puis son expansion mondiale. Le séquençage de 368 accessions représentatives de la diversité génétique et phénotypique a permis de construire un pangénome graphique complet. Le génome "essentiel" de l'aubergine comprend ~16 300 familles de gènes, tandis que ~4 000 familles sont "facultatifs". L'analyse de 218 caractères -agronomiques, de résistance aux stress (a)biotiques, et composition métabolique des fruits- a été réalisée lors de trois essais en Espagne, Italie et Turquie.

Ces travaux ont révélé des gènes candidats associés à trois caractères majeurs : i) *LOG3* lié à la formation des épines, ii) des gènes de type *RPP13* et une protéine à motif *AT-hook* (*AHL*) impliqués dans la résistance à la fusariose, iii) un gène de type *GDSL-lipase* lié au métabolisme de l'acide chlorogénique. Ce jeu de données inédit constitue une ressource de référence pour identifier les bases génétiques d'autres traits et permettra d'orienter une sélection plus ciblée de variétés d'aubergine adaptées à différents environnements.

An international collaboration uncovers the pangenome and panphenome of eggplant

The analysis of a large global collection of 3,400 eggplant (*Solanum melongena*) accessions and their wild relatives allowed the reconstruction of the species' domestication in India and Southeast Asia, followed by its worldwide expansion. Sequencing of 368 accessions representative of global genetic and phenotypic diversity enabled the construction of a complete graph-based pangenome. The "core" genome of eggplant comprises ~16,300 gene families, while ~4,000 families are "dispensable." Analysis of 218 traits -including agronomic characteristics, resistance to (a)biotic

stresses, and fruit metabolic composition- was conducted in three field trials in Spain, Italy, and Turkey. These analyses revealed candidate genes associated with three major traits: i) *LOG3*, linked to prickly formation, ii) *RPP13*-type genes and an *AT-hook* motif protein (*AHL*) involved in resistance to *Fusarium* wilt, iii) a *GDSL-lipase* gene involved in chlorogenic acid metabolism. This unique dataset constitutes a reference resource to identify the genetic bases of other traits and will guide more targeted selection of eggplant varieties adapted to diverse environments.



Événements / Events

Club européen sur le cytosquelette végétal

Un comité de chercheurs du RDP de l'INRAE et du CNRS a accueilli à Lyon la première édition française du European Plant Cytoskeleton Club. Pendant deux jours, 62 chercheurs issus de 6 pays européens ont discuté des dernières avancées de la recherche sur le cytosquelette végétal. La participation à cette rencontre était gratuite et a permis de mettre en avant des chercheurs en début de carrière et des données inédites.

European Plant Cytoskeleton Club

A committee of researchers from INRAE's RDP and CNRS hosted the first French edition of the European Plant Cytoskeleton Club in Lyon. Over two days, 62 researchers from six European countries discussed the latest advances in plant cytoskeleton research. Participation in this meeting was free of charge and provided an opportunity to showcase early-career researchers and unpublished data.



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

4ème Symposium INUPRAG

Le symposium INUPRAG réunissant un groupe multidisciplinaire de scientifiques de l'INRAE (France), de l'UPSC (Suède) et du CRAG (Espagne) s'est tenu à Montpellier. L'objectif était de promouvoir la diffusion et le développement de connaissances en biologie végétale, pour une production durable de biomasse et d'aliments, et la préservation des ressources naturelles. Il s'agissait également de renforcer les collaborations entre instituts tout en impliquant les jeunes chercheurs.

4th INUPRAG Symposium

The INUPRAG symposium, bringing together a multidisciplinary group of scientists from INRAE (France), UPSC (Sweden), and CRAG (Spain), was held in Montpellier. The aim was to promote the dissemination and development of knowledge in plant biology for sustainable biomass and food production and the preservation of natural resources. It also sought to strengthen collaboration between institutes while involving young researchers.



Contact: Christian Dubos
Unité IPSiM, Centre INRAE Occitanie - Montpellier

Les 10 ans du dispositif GreffAdapt

Ce dispositif expérimental, unique en France, permet d'explorer les interactions porte-greffe/greffon sur 275 combinaisons (5 greffons x 55 porte-greffes), dans des conditions de culture au vignoble. Ce dispositif contribue à une meilleure compréhension des interactions entre le système racinaire et la partie aérienne sur divers traits agronomiques, et constitue une plateforme de référence pour l'évaluation des porte-greffes inscrits aux catalogues internationaux, avec un potentiel d'adoption en France. Il permet ainsi d'identifier plus rapidement des candidats prometteurs. Cet effort local s'accompagne d'une dynamique nationale qui a permis de rassembler les données issues de plus de 70 expérimentations porte-greffes réparties sur l'ensemble du territoire.

10 years of the GreffAdapt system

This experimental vineyard, unique in France, allows us to explore rootstock/scion interactions across 275 combinations (5 scions x 55 rootstocks) under vineyard growing conditions. GreffAdapt continues to contribute to a better understanding of how the interactions between the root system and the shoot modify various agronomic traits, and is a reference platform for the evaluation of international rootstocks with the potential for adoption in France. This local effort is accompanied by a national initiative that has brought together data from more than 70 rootstock experiments across the country.



Contact: Elisa Marguerit
Unité EGFV, Centre INRAE Nouvelle-Aquitaine - Bordeaux

Faits marquants 2025

Highlights 2025



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

Understanding the response of plants and plant communities to climatic, nutritional, and biotic stresses in order to adapt them to climate change in agroecological systems

- » 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

- » Axis 2.1 - Understanding how plants and plant communities function in order to adapt them to climatic and nutritional stresses
- » Axis 2.2 - Understanding and promoting plant immunity mechanisms to address pesticide reduction



Contribution du catabolisme des acides aminés dans les processus respiratoires des plantes au cours de la sénescence foliaire

Contribution of amino acid catabolism in plant respiratory processes during foliar senescence

La sénescence est un processus de dégradation des cellules âgées qui conduit au recyclage nutritionnel des différents composants cellulaires et participe à l'élaboration du rendement chez les plantes. Le catabolisme des acides aminés branchés constitue un levier potentiel d'amélioration des plantes via l'alimentation de la respiration mitochondriale au cours de la sénescence. L'évaluation de ce levier a été réalisée sur le colza, une culture oléagineuse d'intérêt majeur pour la France, mais dont le potentiel reste partiellement bridé par l'efficacité de son recyclage nutritionnel. La combinaison d'approches transcriptomiques, métaboliques et fluxomiques a mis en évidence une faible contribution des squelettes carbonés de ces acides aminés à la respiration mitochondriale chez le colza. Ce travail ouvre des perspectives sur la première étape de ce catabolisme, qui permet de recycler l'azote, et concentre également les plus forts signaux de régulations dans nos expériences.

Senescence is defined as the process of degradation of aged cells that leads to the nutritional recycling of various cellular components and contributes to yield establishment in plants. The catabolism of branched-chain amino acids has been identified as a potential mechanism for the enhancement of crop improvement through the modulation of mitochondrial respiration during senescence. This metabolic lever has been evaluated in oilseed rape, a pivotal oilseed crop in France, whose potential remains to a certain extent constrained by the efficiency of its nutritional recycling. The integration of transcriptomic, metabolic and fluxomic approaches has elucidated the minimal contribution of the carbon skeletons of these amino acids to mitochondrial respiration in oilseed rape. This work provides novel insights into the initial stage of this catabolic process, which facilitates the recycling of nitrogen, and also concentrates the most potent regulatory signals in our experimental model.



© INRAE

Publication: *Journal of Experimental Botany*
 doi.org/10.1093/jxb/eraf212

Contact: Younès Dello
 Unité IGEPP
 Centre INRAE Bretagne-Normandie

Mots clés : Métabolisme - Fluxomique - Relations sources-puits

Keywords: Metabolism - Fluxomics - Sink-source relationships



L'induction de la floraison du pommier inhibée par les températures élevées ? Le rôle potentiel de la dégradation de la protéine DELLA via un mécanisme dépendant de COP1

Apple floral induction inhibited by high temperatures? The potential role of Apple DELLA degradation through a COP1-dependent mechanism

Chez le pommier, la floraison est réprimée par la gibbérelline et les températures élevées (> 27°C), mais les mécanismes moléculaires sous-jacents restent inconnus. Lors de cette étude, la dégradation de la protéine DELLA induite par des températures hautes, décrite chez *Arabidopsis thaliana* (At), a été testée ; elle est conservée chez le pommier. Il a été montré que les hautes températures favorisent sa dégradation via un mécanisme dépendant du protéasome 26S. La protéine MdRGL1a interagit avec les orthologues du pommier de At (COP1 et SPA2), composants d'un complexe d'ubiquitine ligase E3 qui intervient dans l'ubiquitination et la dégradation des protéines. Cela suggère un mécanisme conservé où la dégradation de MdRGL1a pourrait être à l'origine de la suppression de la floraison chez le pommier sous températures élevées. Ces résultats pourraient aider à développer des stratégies pour stabiliser la production fruitière face au changement climatique.

In apple, flowering is repressed by gibberellin and high temperatures (> 27°C), but the underlying molecular mechanisms remain unknown. During this study, the high-temperature-induced DELLA degradation demonstrated in *Arabidopsis thaliana* (At), was tested; it is conserved in apple. Using heterologous systems, the function of the apple DELLA protein was characterized and it was discovered that high temperatures promote its degradation via a 26S proteasome-dependent mechanism. MdRGL1a interacts with apple orthologs of At (COP1 and SPA2), components of an E3 ubiquitin ligase complex that mediates protein ubiquitination and degradation. This suggests a conserved mechanism between apple and *Arabidopsis* with the degradation of MdRGL1a that may underlie flowering suppression in apple under high temperatures, providing insights that could aid developing strategies to stabilize fruit production in the face of climate change.



© INRAE

Publication: *Plant Direct*
 doi.org/10.1002/pld3.70108

Contacts: Evelyne Costes, Fernando Andres-Lalaguna
 Unité AGAP Institut - Centre INRAE Occitanie-Montpellier
 IBMCP (CSIC-UPV), Valence, Espagne

Mots clés : Pommier - Gibbérelline - Protéine DELLA - Complexe COP1-SPA - Induction florale

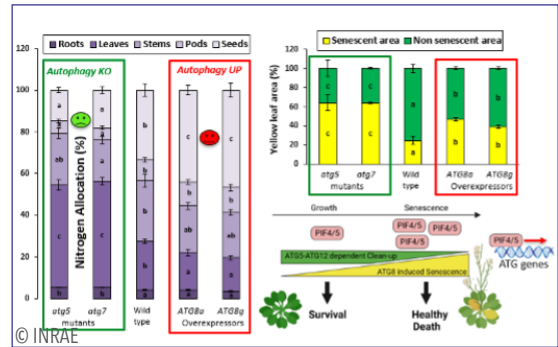
Keywords: Apple - Gibberellin - DELLA protein - COP1-SPA complex - Floral induction

Autophagie : un outil pour contrôler la sénescence foliaire et stimuler le recyclage de l'azote

Modulate autophagic activity to control leaf senescence and nitrogen recycling for adaptation to moderate nitrate inputs

L'importance de l'autophagie dans l'élimination des macromolécules devenues inutiles ou indésirables dans les cellules eucaryotes est bien établie. L'étude menée chez *Arabidopsis* montre que la stimulation de l'activité autophagique dans les tissus foliaires où elle n'est pas naturellement exprimée, peut être accomplie en sur-exprimant le gène *ATG8*. Cette stimulation autophagique augmente considérablement la remobilisation des réserves azotées foliaires et la concentration en protéines des graines. Chez les mutants d'autophagie, la sénescence foliaire précoce observée est liée à l'accumulation de composant cellulaires altérés qui engendrent un stress oxydatif. La sénescence foliaire précoce observée sur les sur-expresseurs *ATG8* est quant à elle attribuée à la remobilisation excessive des contenus cellulaires. L'étude menée en collaboration avec le groupe "Sénescence" du DGIST (Corée) a permis de démontrer le rôle des facteurs de transcription PIF4 et PIF5 dans l'induction des gènes de l'autophagie, et le rôle de l'absence d'activité autophagique dans l'expression du phénotype « stay-green » des mutants *pif4* et *pif5*. Ces travaux offrent une vision intégrée des relations sources/puits liées à l'export des nutriments et au vieillissement des organes, avec l'autophagie comme acteur central de cette coordination.

The importance of autophagy in the elimination of unnecessary or undesirable macromolecules in eukaryotic cells is well established. A study conducted in *Arabidopsis* shows that stimulating autophagic activity in leaf tissues where it is not naturally expressed can be achieved by overexpressing the *ATG8* gene. This autophagic stimulation significantly increases the remobilization of leaf nitrogen reserves and the protein concentration in seeds. In autophagy mutants, the observed early leaf senescence is linked to the accumulation of altered cellular components, which generate oxidative stress. Conversely, the early leaf senescence observed in *ATG8* overexpressors is attributed to the excessive remobilization of cellular contents. The study, conducted in collaboration with the "Senescence" group at DGIST (South Korea), demonstrated the role of the transcription factors PIF4 and PIF5 in the induction of autophagy genes, as well as the role of the absence of autophagic activity in the expression of the "stay-green" phenotype in *pif4* and *pif5* mutants. This work provides an integrated view of source-sink relationships related to nutrient export and organ aging, with autophagy as a central coordinator of this process.



Publications:

Annals of Botany: doi.org/10.1093/aob/mcaf050

J. of Experimental Botany: doi.org/10.1093/jxb/erae469

Contact: Céline Masclaux-Daubresse

Unité IJPB

Centre INRAE Île-de-France - Versailles-Saclay

Mots clés : Efficacité d'utilisation de l'azote - Remplissage protéique du grain - Qualité du grain - Recyclage des nutriments - Autophagie - Durabilité

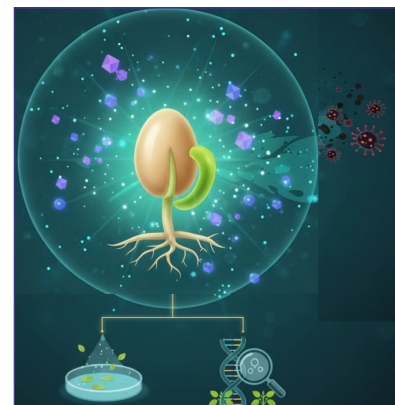
Keywords: Nitrogen use efficiency - Grain protein fill - Grain quality - Nutrient recycling - Autophagy - Durability

Les peptides antimicrobiens, arsenal de la défense passif des semences de tomate

Seed's shield: How Innate Peptides Defend Tomato Seeds

Face à l'urgence et à la nécessité de réduire l'utilisation des pesticides, l'enjeu principal est de valoriser les mécanismes naturels de défense des semences, traditionnellement très vulnérables aux pathogènes au moment de la germination (fonte de semis). L'étude, menée sur les graines de tomate (*Solanum lycopersicum*), a révélé que les exsudats libérés lors de la germination présentes de manière constitutive (passive) un arsenal de molécules de défense dont des peptides antimicrobiens (AMP). Ces défenses sont non seulement naturellement présentes (constitutives) mais peuvent aussi être induites. En perspective, cette recherche vise à caractériser les peptides les plus efficaces et à utiliser ces molécules pour développer de nouvelles stratégies de bioprotection des semences, offrant une alternative écologique aux traitements chimiques. La valorisation de ces travaux est donc directe en Agroécologie et pour la Sécurité Alimentaire, en fournissant une base scientifique pour la substitution des pesticides pour la protection des semences.

Given the urgency and necessity of reducing pesticide use, the main challenge is to enhance the natural defense mechanisms of seeds, which are traditionally very vulnerable to pathogens during germination (damping-off). The study, conducted on tomato seeds (*Solanum lycopersicum*), revealed that the exudates released during germination constitutively (passively) an arsenal of defense molecules, including antimicrobial peptides (AMPs). These defenses are not only naturally present (constitutive) but can also be induced. Looking ahead, this research aims to characterize the most effective peptides and use these molecules to develop new biosourced strategies, offering an environmentally friendly alternative to chemical treatments. This work therefore has direct applications in agroecology and food security, providing a scientific basis for replacing pesticides in seed protection.



Publication: *Molecular Plant Pathology*
doi.org/10.1111/mpp.70164

Contacts: Jerome Verdier, Lukasz Tarkowski
Unité IRHS - Centre INRAE Pays de la Loire

Mots clés : Semence - Défense - Peptide antimicrobiens - Pathogènes

Keywords: Seed - Defense - Antimicrobial peptides - Pathogens

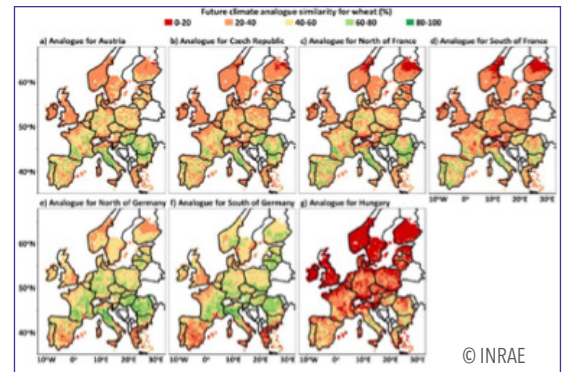


Perte de pertinence climatique des essais d'inscription variétale du blé en Europe

Wheat breeding trials will lose climate relevance in Europe

L'Europe joue un rôle stratégique dans la sécurité alimentaire mondiale. Elle est l'un des principaux producteurs de blé (céréale la plus cultivée au monde) et ses exportations représentent près d'un quart des échanges mondiaux. Cependant, les sécheresses et les vagues de chaleur menacent les récoltes européennes. Pour anticiper ces évolutions, l'étude s'est intéressée à comment le climat va changer et quels territoires actuels présentent des conditions similaires à celles attendues dans le futur. À l'aide de modèles informatiques, les effets combinés de la chaleur et du manque d'eau sur le blé ont été simulés. Les résultats montrent qu'à la fin du siècle, la plupart des sites où sont testées les nouvelles variétés ne correspondront plus aux climats futurs. Aujourd'hui, les zones les plus proches des conditions à venir en Europe Occidentale et Centrale disparaîtront également avec le réchauffement global. Avec le changement climatique, les essais de sélection du blé en Europe risquent de ne plus correspondre à la réalité. Si les sites d'essais ne s'adaptent pas, les cultures de demain pourraient être conçues pour des conditions qui n'existeront plus.

Europe plays a strategic role in global food security. It is one of the leading wheat producers—the most widely grown cereal worldwide—and its exports account for nearly a quarter of global trade. However, increasingly frequent droughts and heatwaves threaten European harvests. To anticipate these changes, the study looked at how the climate will evolve and which current regions present conditions similar to those expected in the future. Using computer models, the combined effects of heat and water scarcity on wheat were simulated. The results show that by the end of the century, most sites where new varieties are tested for registration will no longer match future climates. Today, the areas most similar to future conditions in Western and Central Europe are mainly located in Spain, Italy, and Greece, but they too will disappear with global warming. In conclusion, as Europe's climate changes, wheat breeding trials risk falling out of step with reality. If testing sites do not adapt, tomorrow's crops could be designed for conditions that no longer exist.



Publication: *Environmental Research Letters*
 doi.org/10.1088/1748-9326/ae0e38

Contact: Pierre Martre
 Unité LEPSE
 Centre INRAE Occitanie - Montpellier

Mots clés : Analogues climatiques - Déficit hydrique - Europe - Changement climatique - Sélection variétale - Temperature élevée

Keywords: Climate analogues - Water deficit - Europe - Climate change - High temperature - Plant breeding



Un même récepteur contrôle la formation systémique des nodules et des racines protéoïdes chez le lupin blanc

A single receptor orchestrates systemic control of nodules and cluster roots in white lupin

Chez le lupin blanc, plante cultivée et espèce modèle de la plasticité racinaire, le récepteur LalbCCR1 contrôle simultanément le développement des nodules fixateurs d'azote et des racines protéoïdes formées en réponse à la carence en phosphate. Cette étude publiée dans les Comptes Rendus de l'Académie des Sciences des Etats-Unis (PNAS) montre que CCR1 agit comme un régulateur systémique : des expériences de greffe entre espèces ont révélé qu'un signal issu de la tige module à distance la formation de ces organes coûteux en carbone. Ce mécanisme, baptisé "Autoregulation of Cluster Root and Nodule Development (AoDev)", étend au contrôle racinaire le paradigme classique d'auto-régulation de la nodulation des légumineuses. Ces travaux identifient une voie conservée d'intégration nutritionnelle permettant d'équilibrer l'acquisition de nutriments et la dépense énergétique des plantes.

In white lupin, a crop and plant model for root plasticity, the receptor-like kinase CCR1 controls both nitrogen-fixing nodule formation and phosphate-responsive cluster roots. Published in the Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A., this work demonstrates that CCR1 acts systemically: grafting experiments revealed a shoot-derived signal regulating distant root organogenesis. The newly defined mechanism, Autoregulation of Cluster Root and Nodule Development (AoDev), unifies the systemic control of nodulation and root adaptation. These findings establish a conserved regulatory framework linking nutrient sensing to energy allocation in plants.



Publication: *Proc. Natl. Acad. Sci.*
 doi.org/10.1073/pnas.2418411122

Contact: Benjamin Peret
 Unité IPSiM - Centre INRAE Occitanie - Montpellier

Mots clés : Lupin blanc - Système racinaire - Racines protéoïdes - Nodulation - Signalisation systémique - Plasticité - LRR-RLK

Keywords: White lupin - Cluster roots - Nodulation - Systemic signaling - LRR-RLK - Nutrient stress

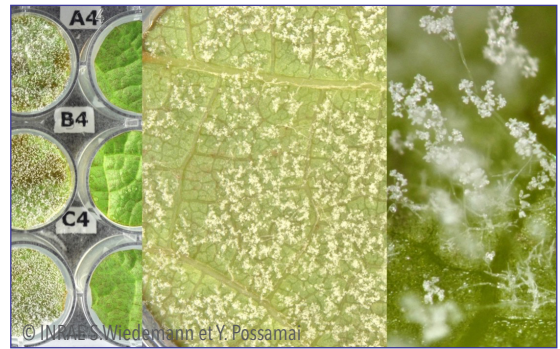


Vignes résistantes au mildiou : des loci contournés peuvent compromettre l'efficacité d'autres gènes majeurs de résistance

Downy mildew-resistant vines: defeated loci may compromise the effectiveness of other major resistance genes

La création de nouvelles variétés de vigne naturellement résistantes au mildiou est une stratégie indispensable pour réduire l'utilisation de fongicides en viticulture, stratégie qui a démontré son potentiel grâce au programme de sélection INRAE-ResDur. Dans ce cadre, l'association de plusieurs gènes de résistance au mildiou dans une même variété de vigne (pyramidage) est utilisée pour augmenter la durabilité de la résistance. Cependant, si le pyramidage procure un gain de résistance dans la très grande majorité des cas, des loci de résistance contournée par certaines souches de mildiou peuvent agir comme des chevaux de Troie compromettant la résistance fournie par d'autres loci majeurs dans certaines situations de pyramidage. La découverte d'interactions potentiellement négatives entre loci majeurs de résistance appelle donc à prolonger l'effort de recherche pour identifier les combinaisons de gènes de résistance les plus prometteuses pour une durabilité optimale de la résistance.

The creation of new grapevine varieties that are naturally resistant to downy mildew is an essential strategy for reducing the use of fungicides in viticulture, a strategy that has demonstrated its potential thanks to the INRAE-ResDur breeding program. In this context, the combination of several downy mildew resistance genes in a single grapevine variety (pyramiding) is used to increase the durability of resistance. However, while pyramiding provides increased resistance in the vast majority of cases, resistance loci that are defeated by certain strains of downy mildew can act as Trojan horses, compromising the resistance provided by other major loci in certain pyramiding situations. The discovery of potentially negative interactions between major resistance loci therefore calls for further research to identify the most promising combinations of resistance genes for optimal resistance durability.



Publication: *bioRxiv*
doi.org/10.1101/2025.04.25.650562

Contact: Philippe Huguency
Unité SVQV
Centre INRAE Grand Est - Colmar

Mots clés : Vigne - Mildiou - Résistance - Durabilité
Keywords: Grapevine - Downy mildew - Resistance - Durability

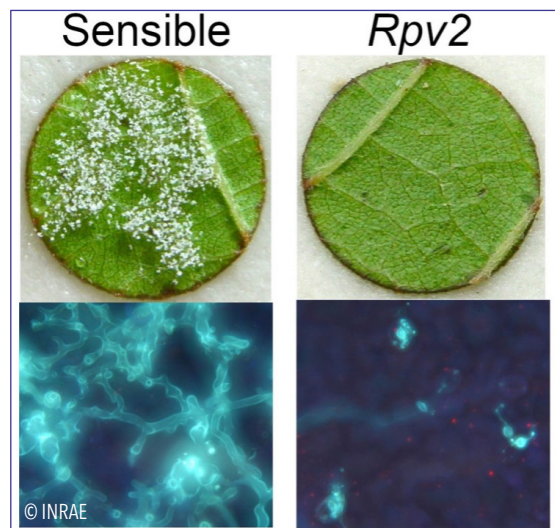


Identification d'un gène de type NBS-LRR conférant une résistance totale au mildiou de la vigne

Identification of an NBS-LRR gene conferring total resistance to grapevine downy mildew

La viticulture est une composante importante de l'économie française. Le mildiou de la vigne est une des maladies les plus dommageables pour la viticulture. Les variétés résistantes constituent l'alternative la plus crédible à l'utilisation de pesticides pour combattre le mildiou. La vigne cultivée en Europe (*Vitis vinifera*) étant sensible, la résistance doit être introduite à partir d'autres espèces de *Vitis*. Le gène *Rpv2*, originaire de *Vitis rotundifolia*, confère une résistance totale au mildiou de la vigne. À l'aide de la cartographie génétique, du séquençage d'individus recombinants, du chromosome painting *in silico* et de la génomique comparative au sein des *Vitaceae*, *Rpv2* a été limité à une région génomique de 250 kb contenant deux gènes de résistance de type NBS-LRR. Ces travaux montrent aussi que la résistance médiée par *Rpv2* conduit au blocage du pathogène tôt dans le cycle infectieux. Ces résultats aident à comprendre les avantages et les risques associés à l'utilisation de *Rpv2* dans les programmes d'amélioration génétique.

Viticulture is an important component of the French economy. Downy mildew of grapevine is one of the most damaging diseases for viticulture. Resistant varieties represent the most credible alternative to the use of pesticides to combat downy mildew. Because grapevine cultivated in Europe (*Vitis vinifera*) is susceptible, resistance must be introduced from other *Vitis* species. The *Rpv2* gene, originating from *Vitis rotundifolia*, confers complete resistance to grapevine downy mildew. Using genetic mapping, sequencing of recombinant individuals, *in silico* chromosome painting, and comparative genomics within the *Vitaceae* family, *Rpv2* has been restricted to a 250 kb genomic region containing two NBS-LRR resistance genes. This work also shows that *Rpv2*-mediated resistance leads to the restriction of pathogen growth early in the infection cycle. These results help to understand the benefits and risks associated with the use of *Rpv2* in breeding programs.



Publication: *Theoretical and Applied Genetics*
doi.org/10.1007/s00122-025-04959-z

Contacts: Pere Mestre, Camille Rustenholz
Unité SVQV
Centre INRAE Grand Est - Colmar

Mots clés : Vigne - Mildiou - Gène de résistance - Interaction plante-pathogène
Keywords: Grapevine - Downy mildew - Resistance gene - Plant-pathogen interaction

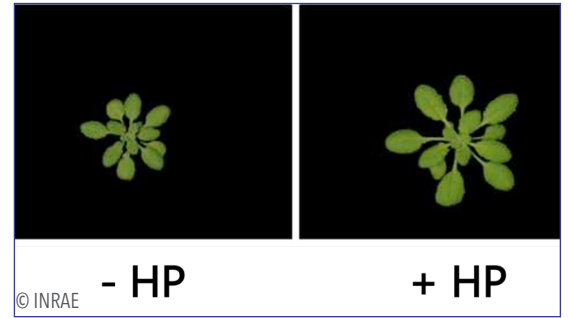


Caractérisation par une approche multi-niveaux chez *Arabidopsis* de l'effet biostimulant d'un hydrolysate de protéines

Multi-level characterization in *Arabidopsis* of the biostimulating effect of a protein hydrolysate

L'utilisation de biostimulants représente une stratégie agricole prometteuse pour maintenir les rendements tout en réduisant le recours aux engrais minéraux. Parmi les biostimulants, les hydrolysats de protéines (HP) sont déjà connus pour stimuler la croissance et le rendement, mais les mécanismes sous-jacents restent mal compris. Des expériences *in vitro*, ainsi qu'un phénotypage à haut débit ont été réalisés sur l'espèce modèle *Arabidopsis thaliana*. Ces analyses ont permis d'observer de manière reproductible une stimulation de la croissance racinaire et des parties aériennes en présence d'HP. Afin d'identifier plus précisément les cibles physiologiques et moléculaires des HP, des analyses omiques ont été réalisées. Elles ont révélé des modifications des voies métaboliques, ainsi que du transcriptome des gènes impliqués dans le métabolisme de l'azote, et plus particulièrement des acides aminés.

Biostimulant use is a promising agricultural strategy to maintain yield while decreasing mineral fertilisers and pesticides. Among these biostimulants, protein hydrolysates (PH) are already known to stimulate plant growth and yield, but the underlying processes are not well understood. First, *in vitro* and high-throughput phenotyping experiments were conducted using the model plant *Arabidopsis thaliana*. These analyses consistently showed stimulation of root and shoot growth in the presence of PHs. To identify more precisely the physiological and molecular targets of PHs, omics analyses were carried out. They revealed modifications in the metabolomic pathways and transcriptome of genes involved in nitrogen metabolism, particularly amino acids.



© INRAE

Publication: *Physiol Plant*
doi.org/10.1111/pp1.70600

Contact: Christian Meyer
Unité IJPB
Centre INRAE Île-de-France - Versailles-Saclay

Mots clés : Acides aminés - Biostimulant - *Arabidopsis* - Fertilisation azotée - Kinase TOR
Keywords: Amino acid - *Arabidopsis* - biostimulant - nitrogen - TOR kinase

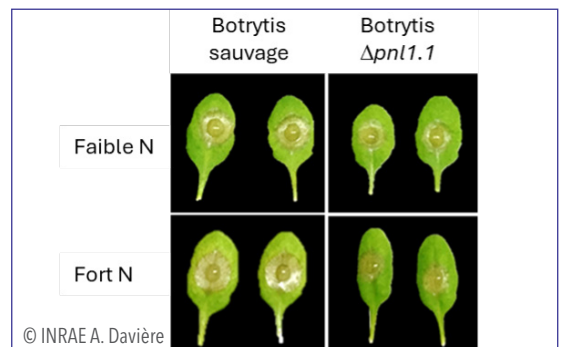


La limitation en azote chez les plantes altère la défense apoplastique et la capacité des micro-organismes pathogènes à les attaquer

Plant nitrogen limitation impairs apoplastic defense and affects the ability of pathogenic microorganisms to attack them

Les chercheurs de l'unité IJPB montrent comment les stress nutritifs altèrent l'une des premières lignes de défense des plantes contre les agents pathogènes : le compartiment apoplastique. En effet, ce compartiment liquide entourant les cellules végétales et baignant la paroi cellulaire, joue un rôle majeur dans les interactions précoces entre cellules végétales et micro-organismes, qu'ils soient pathogènes ou bénéfiques. Malgré ce rôle clé, l'apoplasme reste très peu étudié et l'impact des stress abiotiques sur ce compartiment l'est encore moins. Dans une première publication, les chercheurs ont montré que le contenu métabolique de l'apoplasme foliaire était modulé par la nutrition azotée de la plante, nuancant la capacité d'une bactérie pathogène à exprimer sa virulence au sein des feuilles. Dans une seconde publication, les chercheurs montrent que l'activation des défenses de la plante par un champignon pathogène, via la dégradation de la paroi, est, elle aussi, modulée par la nutrition azotée de la plante.

Through two publications, researchers from the IJPB unit demonstrated how nutritional stresses experienced by plants disrupt one of the first lines of defense against pathogens: the apoplastic compartment. This liquid compartment, which surrounds plant cells and bathes the cell wall, plays a major role in early interactions between plant cells and both pathogenic and beneficial microorganisms. Despite its key role, the apoplast is poorly studied, and the impact of plant abiotic stress on this compartment is even less understood. In their first publication, the researchers showed how the metabolomic content of the leaf apoplast is modulated by the plant's nitrogen nutrition, influencing the ability of a pathogenic bacterium to express its virulence within the leaves. In a second publication, they revealed how the activation of plant defenses by a pathogenic fungus—through cell wall degradation—is modulated by the plant's nitrogen nutrition.



© INRAE A. Davière

Publications:
Mol Plant Pathol - doi.org/10.1111/mpp.70110
Commun Biol - doi.org/10.1038/s42003-025-07642-7

Contact: Mathilde Fagard
Unité IJPB
Centre INRAE Île-de-France - Versailles-Saclay

Mots clés : Multistress - Défense apoplastique - Métabolome spécialisé - Signalisation - Interactions plantes-microorganismes
Keywords: Multistress - Apoplastic defense - Specialized metabolome - Signalling - Plant-microorganism interactions



Concevoir et expérimenter des systèmes agricoles répondant aux enjeux de la transition agroécologique et face au changement climatique

Designing and testing agricultural systems to face the challenges of the agroecological transition under climate change conditions

L'agriculture est confrontée à de multiples enjeux, dont la réduction de la dépendance aux pesticides et le changement climatique, qui peuvent remettre en question certaines pratiques agroécologiques basées sur les régulations biologiques. Dans le projet ASPECT, les dispositifs d'expérimentation de systèmes de 3 unités expérimentales (UE) INRAE (Grandes cultures, Arboriculture et Maraîchage), engagées dans la transition agroécologique et confrontées aux aléas du changement climatique, ont été analysés avec l'expertise de l'unité de service Agroclim. Il en ressort un constat d'impact pouvant amener à des pertes de repères pour leur pilotage. Pour intégrer ces nouvelles contraintes, des collectifs d'UE se forment et s'outillent pour analyser ces impacts. Leurs réflexions partagées confirment que les UE travaillant 'en vraie grandeur' dans leurs territoires avec une diversité de métiers sont pertinentes pour construire l'adaptation au changement climatique de systèmes et pratiques agroécologiques.

Agriculture faces multiple challenges, including reducing dependence on pesticides and climate change, which may call into question certain agroecological practices based on biological regulations. In the ASPECT project, the experimental systems of three INRAE experimental units (UE) (field crops, arboriculture, and market gardening), which are engaged in the agroecological transition and faced with the vagaries of climate change, were analyzed with the expertise of the Agroclim service unit. The results show an impact that could lead to a loss of reference points for their management. To integrate these new constraints, EU collectives are being formed and equipped to analyze these impacts. Their shared reflections confirm that EUs working "in real life" in their territories with a diversity of professions are relevant for building the adaptation of agroecological systems and practices to climate change.



Publication : *Rapport final du projet exploratoire ASPECT*
hal.inrae.fr/hal-05360015v1

Contacts : Amélie Lefèvre, Sylvaine Simon, Coralie Triquet, Iñaki García de Cortázar-Atauri

Projet inter-départements INRAE :
ACT, SPE, AgroEcoSystem, BAP

Mots clés : Agroécologie - Changement climatique - Expérimentation - Collectifs - Conception - Diversification
Keywords: Agroecology - Climate change - Diversification - Experimentation - Collectives of experimenters - Design



Des lignées de maïs stables ou plastiques : 2 stratégies de réponse face au changement climatique

Stable or plastic maize inbred lines: two contrasting response strategies to climate change

La sécheresse affecte à la fois le rendement et la digestibilité du maïs fourrage. Treize lignées ont été cultivées deux années dans des conditions d'irrigation contrôlées et contrastées aux champs en France et en Espagne (Projets FillingGaps (PEPR B-BEST) et IBHÉRIQUE (BAP, IB23)). Des réponses de la digestibilité et des composantes pariétales au stress hydrique, dépendantes du génotype ont été observées. Ces réponses révèlent deux groupes distincts : des lignées plastiques et des lignées stables. Chez les génotypes plastiques, l'augmentation de la digestibilité en réponse au déficit hydrique s'accompagne d'une réduction de la teneur en acide p-coumarique et de la lignification dans l'écorce. Alors que chez les lignées stables, aucune réponse aux niveaux biochimique et histologique n'a été observée. Cette étude met en évidence la complexité des réponses génotype-dépendantes au déficit hydrique et ouvre la voie à la sélection de génotypes mieux adaptés aux conditions climatiques futures.

Drought affects both yield and digestibility of forage maize. Thirteen maize lines were grown over two years under contrasting, controlled irrigation conditions in field trials in France and Spain (FillingGaps project – PEPR B-BEST and IBHÉRIQUE project – BAP, IB23). Genotype-dependent responses of digestibility and cell wall components to water stress were observed. These responses revealed two distinct groups: plastic lines and stable lines. In plastic genotypes, the increase in digestibility under water deficit was associated with a reduction in p-coumaric acid content and lignification in the rind. In contrast, stable lines showed no detectable biochemical or histological response. This study highlights the complexity of genotype-dependent responses to water deficit and paves the way for selecting genotypes better adapted to future climatic conditions.



Publication : *Frontiers in Plant Science*
doi.org/10.3389/fpls.2025.1571407

Contacts : Valérie Méchin, Florence Meunier & Ana López-Malvar
Unités AGAP Institut, Diascope & IJPB
Centres INRAE Occitanie - Montpellier & Île-de-France - Versailles-Saclay

Mots clés : Réponse à la sécheresse - Maïs - Digestibilité - Acide p-coumarique - Lignification - Histologie
Keywords: Drought response - Maize Digestibility - P-coumaric acid - Lignification - Histology

Signatures métaboliques distinctes associées à la réponse à la sécheresse, à l'architecture aériennes et au temps de floraison chez la cameline

Distinct metabolic signatures associated with drought response, shoot architecture and Flowering time In camelina

L'impact de la période de floraison sur la réponse au stress hydrique et la qualité des graines a été évalué chez six mutants édités de cameline, porteurs de mutations combinées sur cinq gènes (SVP, TFL1, LHP1, ELF3 et FLC) régulant la floraison et l'architecture des parties aériennes. Leur phénotype a été caractérisé en conditions de sécheresse précoce et tardive. La précocité de floraison était peu modifiée, contrairement à la ramification et au rendement. La métabolomique non ciblée a démontré que, contrairement au profil lipidomique, la plasticité du métabolome spécialisé était fortement modulée par la sécheresse dans tous les génotypes. Les graines mutantes présentaient un profil de métabolites spécialisés distinct en réponse à la sécheresse, avec une réponse constitutive au stress chez les mutants buissonnants en conditions de contrôle. Le profilage des métabolites dans les feuilles a également montré des signatures métaboliques spécifiques selon les mutants, mais avec une diversité métabolique plus faible que dans les graines.

The impact of flowering time on drought stress response and seed quality was evaluated in six camelina edited mutants, carrying combinatory mutations on the flowering time genes SVP, TFL1, LHP1, ELF3 and FLC and leading to a range of flowering precocity and shoot architecture changes. The phenotype of these mutants was characterized in response to early and late drought and showed that their flowering time was not strongly altered contrary to branching and yield. Untargeted metabolomic demonstrated that in contrary to the lipidomic profile, the plasticity of the specialized metabolite was strongly modulated by drought in all genotypes. Specialized metabolite profile of the mutant seeds showed distinct pattern in response to drought with constitutive stress response of the bushy mutants in control condition. Metabolite profiling in leaves also showed specific metabolic signatures of some mutants but with lower metabolite diversity than in seeds.



© INRAE J.D. Faure

Publication: *Plant Cell Physiol*
 doi.org/10.1093/pcp/pcf150

Contact: Jean-Denis Faure
 Unité IJPB
 Centre INRAE Île-de-France - Versailles-Saclay

Mots clés : Edition de gènes - Diversité génétique - Diversité métabolique - Sécheresse - Floraison

Keywords: Gene editing - Genetic diversity - Metabolic diversity - Drought - Flowering

Identification du gène RMia de résistance aux nématodes chez le pêcher et développement de marqueurs moléculaires intragéniques

Identification of the *RMia* nematode resistance gene in peach and development of intragenic molecular markers

Le gène majeur *RMia*, qui confère une résistance aux espèces de Nématodes à galles chez le pêcher avait été localisé par clonage positionnel sur le chromosome 2, dans une région de 92 Kb. A partir du séquençage PACbio d'une banque BAC d'une variété résistante, nous avons identifié trois nouveaux gènes candidats TNL (*RMiaGC1*, *RMiaGC2*, *RMiaGC3*) dans cette région. Ils sont surexprimés lors de l'infection avec des nématodes de *Meloidogyne incognita* avec un haut niveau d'expression pour le gène *RMiaGC1*. De nouveaux marqueurs moléculaires intragéniques associés à cette résistance ont été développés et leur utilisation par comparaison avec le phénotype a été validée. Cela pourra permettre de les pyramider avec d'autres gènes de résistance aux nématodes déjà identifiés et d'obtenir des porte-greffe *Prunus* porteur de résistance durable.

The major *RMia* gene, which confers resistance to root-knot nematode species in peach had been located by positional cloning on chromosome 2, in a 92 Kb region. From PACbio sequencing of a BAC library of a resistant variety, we identified three new TNL candidate genes (*RMiaGC1*, *RMiaGC2*, *RMiaGC3*) in this region. They are overexpressed upon infection with *Meloidogyne incognita* nematodes, with a high level of expression for the *RMiaGC1* gene. New intragenic molecular markers associated with this resistance have been developed and their use in comparison with phenotyping has been validated. This will make it possible to pyramid them with other nematode resistance genes already identified, and to obtain *Prunus* rootstocks with long-lasting resistance.



© INRAE H. Duval

Publication: *Scientia Horticulturae*
 doi.org/10.1016/j.scienta.2025.114081

Contact: Henri Duval
 Unité GAFL, Centre INRAE Provence-Alpes-Côte d'Azur

Mots clés : Porte-greffe *Prunus* - Gène de Résistance - Nématodes à galles - Marqueurs moléculaires - SAM

Keywords: *Prunus* rootstock - Resistance gene - Root-knot nematodes - Molecular markers - SAM



Résistance à sept virus et leur principal vecteur chez le concombre : des points chauds dans le génome

Resistance to seven viruses and their main vector in cucumber: genome hotspots

Le concombre représente un enjeu agricole majeur avec environ 90 millions de tonnes produites dans le monde sur plus de 2 millions d'hectares mais il reste fortement vulnérable aux maladies virales provoquant des pertes de rendement significatives. Une zone du génome est associée à une moindre attractivité d'un des insectes vecteurs de ces maladies et à de faibles épidémies d'un virus persistant dans ce vecteur. Un point chaud de résistance dans le génome, impliqué dans la résistance à quatre virus, colocalise avec un acteur clé de la réponse antivirale basée sur l'interférence ARN. Un second point chaud, impliqué dans la résistance à deux virus, est situé près d'un gène possiblement impliqué dans la circulation intracellulaire des virus. La reconstitution des haplotypes dans ces points chauds révèlent une diversité, fruit de la coévolution entre les virus et la plante hôte, combinée aux pratiques de sélection modernes. Cette étude marque une avancée significative dans la compréhension des mécanismes génétiques de résistance virale chez le concombre et constitue une base solide pour l'innovation variétale et la sécurisation des cultures face aux menaces virales.

Cucumbers are a major agricultural crop, with around 90 million tonnes produced worldwide on more than 2 million hectares, but they remain highly vulnerable to viral diseases, causing significant yield losses. A genomic area is associated with reduced attractiveness to one of the insect vectors of these diseases, and with low epidemics of a virus persisting in this vector. One resistance hotspot in the genome, involved in resistance to four viruses, colocalizes with a key player in the RNA interference-based antiviral response. A second hotspot, involved in resistance to two viruses, is located near a gene possibly involved in intracellular virus circulation. Reconstituting haplotypes in these hotspots reveals a diversity that is the fruit of coevolution between viruses and the host plant, combined with modern breeding practices. This study marks a significant advance in our understanding of the genetic mechanisms of viral resistance in cucumber, and provides a solid basis for varietal innovation and crop safety in the face of viral threats.



© INRAE S. Monnot

Publication: *Horticulture Research*

- doi.org/10.1093/hr/uhaf016

- doi.org/10.1093/hr/uhac184

Contact: Nathalie Boissot

Unité GAFL, Centre INRAE Provence-Alpes-Côte d'Azur

Mots clés : Concombre - Virus - Résistance - Gène - QTL

Keywords: Cucumber - Virus - Resistance - Gene - QTL



L'observation de collections de pêchers et abricotiers en vergers multisites non traités : un dispositif pertinent pour développer des variétés plus résilientes aux stress biotiques

Observation of collections of peach and apricot trees in untreated multi-site orchards: a relevant approach for developing varieties that are more resilient to biotic stresses

Pour identifier les marqueurs génétiques utiles pour la sélection de la résilience aux maladies du pêcher (*P. persica*) et de l'abricotier (*P. armeniaca*), les symptômes provoqués par 7 ravageurs et maladies majeurs ont été observés au fil des ans dans des collections multisites naturellement infectées. Les niveaux de résilience dépendent souvent des environnements, ce qui souligne l'importance des observatoires multisites. Cette étude, rare pour les fruitiers pérennes dans son ampleur et son déploiement, marque une avancée significative dans l'identification de zones du génome pour des maladies encore jamais étudiées sous l'angle de la diversité génétique. Elle constitue une base solide pour le développement de la sélection assistée par marqueurs et de la sélection génomique pour améliorer la résilience biotique des variétés de Prunus dans différents environnements.

To identify genetic markers useful for breeding disease resilience in peach (*P. persica*) and apricot (*P. armeniaca*), symptoms caused by seven major pests and diseases were monitored over the years in naturally infected, multi-site collections. Resilience levels often depend on environmental conditions, highlighting the importance of multi-site observatories. This study—rare in its scale and implementation for perennial fruit crops—represents a significant step forward in identifying genomic regions associated with diseases that had never been explored before through the lens of genetic diversity. It provides a solid foundation for the development of marker-assisted selection and genomic selection to improve the biotic resilience of Prunus cultivars across diverse environments.



© INRAE

Publication: *J Exp Bot*

doi.org/10.1093/hr/uhaf088

Contact: Morgane Roth

Unité GAFL

Centre INRAE Provence-Alpes-Côte d'Azur

Mots clés : Pêcher - Abricotier - Prunus - Stress biotique - Résilience - Sélection - Marqueur génétique

Keywords: Peach tree - Apricot tree - Prunus - Biotic stress - Resilience - Selection - Genetic marker



Communiqués de presse



Contact: Émilie Vergne
Unité IRHS
Centre INRAE Pays de la Loire

Publications:
Horticulture Research
doi.org/10.1093/hr/uhaf262
Plant, Cell & Env.
doi.org/10.1101/2025.04.03.647103

[Lire le communiqué >>>](#)

Feu bactérien et vagues de chaleur : comment protéger les vergers ?

Le feu bactérien est une maladie dévastatrice pour les pommiers et poiriers, pouvant conduire à l'arrachage des vergers touchés. Comment les plantes peuvent-elles s'en sortir face à ce fléau ? Deux nouvelles études menées par INRAE et l'Institut Agro Rennes Angers décryptent les mécanismes permettant d'immuniser le pommier contre le feu bactérien. Elles montrent également qu'une vague de chaleur peut rendre une

plante immunisée plus vulnérable. Alors que les vagues de chaleur vont se multiplier avec le changement climatique, ces découvertes permettent de mieux comprendre la sensibilité des vergers et d'orienter les stratégies de lutte à venir.

Fire blight and heat waves: how to protect orchards?

Fire blight is a devastating disease for apple and pear trees, which can lead to the uprooting of affected orchards. How can plants survive this scourge? Two new studies conducted by INRAE and the Institut Agro Rennes Angers decipher the mechanisms that enable apple trees to become immune to fire blight. They also show that a heatwave can make

an immune plant more vulnerable. With heatwaves set to become more frequent as a result of climate change, these findings provide a better understanding of the vulnerability of orchards and will help guide future control strategies.



Contact: Iñaki Garcia de Cortazar Atauri
Unité AgroClim
Centre INRAE PACA

Publication:
PLOS Climate
doi.org/10.1371/journal.pclm.0000539

[Lire le communiqué >>>](#)

Changement climatique : les vignobles européens sont les plus affectés

Comment les régions viticoles sont touchées par le changement climatique à l'échelle mondiale depuis 70 ans ? S'appuyant sur l'analyse de plusieurs bases de données et intégrant la diversité des cépages, une équipe internationale de recherche coordonnée par l'université de Colombie-Britannique (Canada), impliquant

INRAE et l'Institut Agro, démontre que tous les pays du monde sont affectés, mais de manière inégale. Les résultats, publiés dans PLOS Climate, montrent d'importants changements dans les vignobles européens, liés notamment à l'élévation des températures.

Climate change: European vineyards are the most affected

How have wine-growing regions been affected by global climate change over the past 70 years? Based on the analysis of several databases and taking into account the diversity of grape varieties, an international research team coordinated by the University of British Columbia (Canada), involving INRAE and Institut Agro, has

shown that all countries around the world are affected, but to varying degrees. The results, published in PLOS Climate, show significant changes in European vineyards, linked in particular to rising temperatures.



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

Identify, understand, and mobilize the functions and traits of plants that underpin services for human/animal health and the environment

- » Axis 3.1 - Understanding and improving metabolism for product quality
- » Axis 3.2 - Understanding photosynthesis, identifying plant features for bioenergy production and improving carbon storage (climate change mitigation)
- » Axis 3.3 - Understanding and improving plant-organism interactions to maintain soil fertility/quality and biodiversity in agroecosystems

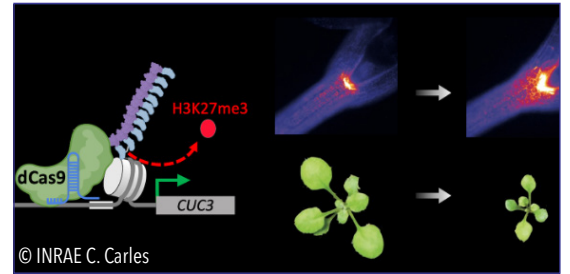


L'édition épigénétique fait ses preuves chez les végétaux, de son impact sur la transcription à la forme de la plante

Epigenetic editing proves effective in plants, from its impact on gene transcription to morphology

Les marques épigénétiques sont considérées comme corrélées aux profils d'expression génique, mais leur effet causal direct sur la transcription et le destin cellulaire n'est pas clairement établi. La modification chromatinienne H3K27me3, marque épigénétique conservée chez les eucaryotes multicellulaires, est fortement associée à la répression des gènes développementaux. Nous démontrons ici sa fonction exacte chez les plantes en utilisant un outil d'édition épigénétique basé sur dCas9, pour le recrutement ciblé d'une activité déméthylase d'histone sur le gène développemental *CUP SHAPED COTYLEDON 3 (CUC3)* d'*Arabidopsis thaliana*. Le retrait de la marque H3K27me3 du locus *CUC3* induit sa transcription ectopique, entraînant une altération de la morphologie des feuilles et de l'activité méristématique. Notre étude valide ainsi l'édition épigénétique comme approche puissante pour disséquer les impacts fonctionnels des marques épigénétiques sur la transcription et la morphogenèse.

Epigenetic marks are considered to be correlated with gene expression profiles, but their direct causal effect on transcription and cell fate is not clearly established. The chromatin modification H3K27me3, an epigenetic mark conserved in multicellular eukaryotes, is strongly associated with the repression of developmental genes. Here, we demonstrate its genuine function in plants using a dCas9-based epigenetic editing tool for the targeted recruitment of a histone demethylase activity to the developmental gene *CUP SHAPED COTYLEDON 3 (CUC3)* in *Arabidopsis thaliana*. Removal of the H3K27me3 mark from the *CUC3* locus induces its ectopic transcription, leading to altered leaf morphology and meristematic activity. Our study thus validates epigenetic editing as a powerful approach for dissecting the functional impacts of epigenetic marks on transcription and morphogenesis.



Publication: *iScience*
doi.org/10.1016/j.isci.2025.112475

Contact: Christel Carles
Unité LPCV
Centre INRAE Lyon-Grenoble Auvergne-Rhône-Alpes

Mots clés : Développement - Morphogenèse - Edition épigénétique - Marques chromatinienne - Transcription et expression génique

Keywords: Development - Morphogenesis - Epigenetic editing - Chromatin marks - Gene transcription and expression.



Découverte d'un acteur essentiel du contrôle épigénétique et de la stabilité du génome végétal

Discovery of a key player in epigenetic control and plant genome stability

Discovery of a key player in epigenetic control and plant genome stability

La diversité génétique et épigénétique est essentielle pour l'adaptation des espèces et la stabilité des écosystèmes. L'équipe « Variabilité épigénétique » de l'IJPB étudie les marques épigénétiques qui régulent l'expression des gènes chez les plantes. Mieux comprendre ces mécanismes ouvre de nouvelles stratégies de création de variétés sans modifier leur ADN. Les chercheurs utilisent *Arabidopsis thaliana* comme modèle avant d'appliquer ensuite leurs découvertes à des espèces cultivées. Trois protéines clés (IBM1, GyrB3 et HDA6) maintiennent la stabilité épigénétique et contrôlent l'activité des transposons, agissant conjointement pour préserver les frontières gènes/transposons. La perte de l'une de ces protéines crée un désordre épigénétique et une activation des transposons. Les chercheurs s'appuient sur le séquençage à haut débit et la bio-informatique pour décrypter ces mécanismes. Ces avancées ouvrent la voie à une manipulation ciblée de l'épigénome pour améliorer les plantes.

Genetic and epigenetic diversity is essential for species adaptation and ecosystem stability. The "Epigenetic Variability" team at IJPB studies epigenetic marks that regulate gene expression in plants.

A better understanding of these mechanisms opens new strategies for developing plant varieties without altering their DNA. Researchers use *Arabidopsis thaliana* as a model before applying their discoveries to crop species. Three key proteins (IBM1, GyrB3, and HDA6) maintain epigenetic stability and control transposon activity, acting together to preserve gene/transposon boundaries. Loss of any of these proteins leads to epigenetic disruption and transposon activation. The team relies on high-throughput sequencing and bioinformatics to decipher these mechanisms. These advances pave the way for targeted epigenome manipulation to improve crop plants.



Publication: *Nucleic Acids Res.*
doi.org/10.1093/nar/gkaf985

Contact: Nicolas Bouché
Unité IJPB
Centre INRAE Île-de-France - Versailles-Saclay

Mots clés : Variabilité épigénétique - *Arabidopsis thaliana* - Transposons - Stabilité génomique

Keywords: Epigenetic variation - *Arabidopsis thaliana* - Transposons - Genome stability

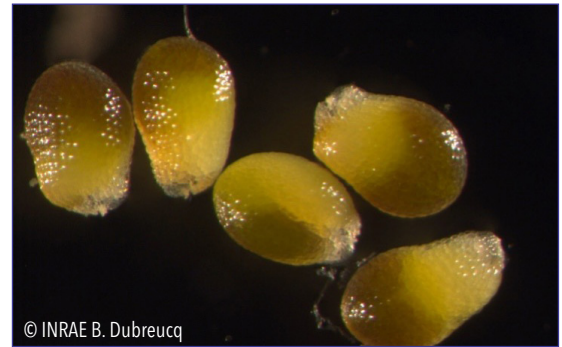


Le facteur de transcription LEC2 présente un double mode d'action conservé chez les plantes à fleurs

The LEC2 transcription factor exhibits a dual mode of action that is conserved in flowering plants

Les graines accumulent de grandes quantités de composés de réserve. La régulation des différentes voies métaboliques et les mécanismes moléculaires sous-jacents menant à la formation d'une graine riche en réserves restent mal compris. Chez *Arabidopsis thaliana*, le développement des graines est largement contrôlé par les facteurs de transcription appelés LAFL, dont *LEAFY COTYLEDON 1* et *2* (*LEC1* et *LEC2*). Pour en comprendre le rôle, une étude sur les relations structure/fonction de la protéine *LEC2*, en dehors du domaine B3 de liaison à l'ADN, a révélé des domaines d'activation transcriptionnelle conservés chez les eudicotylédones. Dans la graine, ces domaines ne sont pas indispensables à l'activité de *LEC2* suggérant que cette protéine peut agir comme un activateur transcriptionnel classique ou de manière indépendante de la transactivation. Ces résultats apportent des informations importantes sur la fonction des régulateurs LAFL pendant le développement des graines, de la différenciation cellulaire à l'accumulation de réserves.

Seeds accumulate large quantities of storage compounds. The regulation of the various metabolic pathways and the underlying molecular mechanisms leading to the formation of a seed rich in reserves remain poorly understood. In *Arabidopsis thaliana*, seed development is largely controlled by transcription factors known as LAFL, including *LEAFY COTYLEDON 1* and *2* (*LEC1* and *LEC2*). To understand their role, a study of the structure-function relationships of the *LEC2* protein outside its B3 DNA-binding domain revealed the presence of transcriptional activation domains conserved among eudicots. These domains are not essential for *LEC2* activity in the seed, suggesting that the protein can act either as a classical transcriptional activator or without transactivation activity. These findings provide important insights into the function of the LAFL regulators during seed development, from cellular differentiation to the accumulation of storage reserves.



© INRAE B. Dubreucq

Publication: *Plant Journal*
doi.org/10.1111/tpj.70380

Contact: Bertrand Dubreucq
Unité IJPB
Centre INRAE Île-de-France - Versailles-Saclay

Mots clés : LAFL - LEC2 - Domaine d'activation -
Régulation transcriptionnelle de la graine

Keywords: LAFL - LEC2 - Activation domain - Seed
transcriptional regulation - Epigenetic control

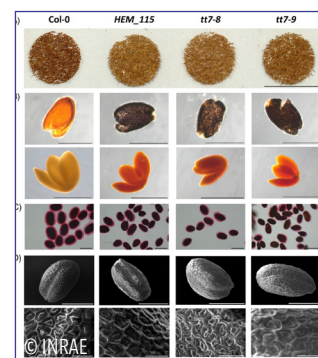


Un criblage de mutants affectés dans le ratio huile/protéines des graines identifie un nouvel allèle *transparent testa7*

An innovative screening for mutants affected in seed oil/protein allocation identifies a new *transparent testa7* allele

Les Brassicacées accumulent principalement de l'huile et des protéines dans leurs graines. Cependant, malgré un intérêt croissant pour leur teneur en protéines, elles ont jusqu'à présent été sélectionnées avant tout pour leur teneur en huile. La forte corrélation négative entre ces deux composés de stockage rend difficile leur augmentation simultanée. Dans cette étude, une collection de mutants EMS homozygotes d'*Arabidopsis thaliana* a été criblée à l'aide de la spectroscopie proche infrarouge afin d'identifier des mutants présentant une corrélation huile/protéines altérée. L'un de ces mutants est affecté dans le gène *TRANSPARENT TESTA7* (*TT7*), impliqué dans la voie de biosynthèse des flavonoïdes. L'analyse d'autres mutants de cette voie a révélé que seuls les mutants *tt7* présentaient une diminution aussi importante de leur teneur en huile. Des analyses métabolomiques et génétiques ont révélé que l'accumulation d'un flavonoïde, le kaempférol-3-O-rhamnoside, serait à l'origine de la réduction de l'huile dans les graines des mutants *tt7*.

Brassicaceae species mainly accumulate oil and protein in their seeds. However, they have mainly been selected for their oil content to date, despite growing interest in their protein content. The strong negative correlation between these two storage compounds makes it difficult to increase both simultaneously. In this study, an *Arabidopsis thaliana* homozygous EMS mutant library was screened using near-infrared spectroscopy to identify mutants with impaired oil/protein correlation. One such mutant was found to be in the *TRANSPARENT TESTA7* (*TT7*) gene, which is involved in the flavonoid biosynthetic pathway. Analysis of other mutants in this pathway revealed that *tt7* mutants were the only ones with such a significant decrease in seed oil content. Untargeted metabolomic and genetic analyses revealed that the accumulation of a flavonoid, the kaempferol-3-O-rhamnoside appears to cause the reduction in seed oil in *tt7* mutants.



Publication: *The Plant journal*
doi.org/10.1111/tpj.70269

Contact: Sophie Jasinski
Unité IJPB
Centre INRAE Île-de-France - Versailles-Saclay

Mots clés : Mutants EMS - Composés de réserve
des graines - *TRANSPARENT TESTA7* - Arabidopsis -
Flavonoïdes des graines - Cartographie par séquençage
- Métabolomique non ciblée

Keywords: EMS mutants, seed storage compounds,
TRANSPARENT TESTA7 - Arabidopsis - Seed flavonoids -
mapping-by-sequencing - Untargeted metabolomics



Protéines végétales : freins, leviers et projets en cours en France

Plant proteins: barriers, levers, and ongoing projects in France

L'agriculture française doit relever de nombreux défis, notamment réduire son impact environnemental et produire des aliments de qualité pour une population croissante. Un enjeu majeur est d'accroître la part des protéines végétales dans les régimes alimentaires tout en valorisant les services écosystémiques. Le développement des protéines végétales en France nécessite une approche systémique reliant production, transformation, consommation et politiques publiques. Un groupe de travail sur protéines végétales à l'initiative de Carnot Qualiment, Carnot Plant2Pro et PlantAlliance a réalisé une synthèse des freins et leviers à l'utilisation des protéines végétales, dans laquelle il présente un panorama des recherches en cours, notamment celles qui combinent génétique, agronomie et procédés de transformation. Cette recherche interdisciplinaire, de la ferme à la fourchette, contribuera à produire des connaissances utiles au développement de systèmes agroalimentaires plus durables et résilients.

French agriculture faces many challenges, including reducing its environmental impact and producing high-quality food for a growing population. A major challenge is to increase the proportion of plant proteins in diets while promoting ecosystem services. The development of plant proteins in France requires a systemic approach linking production, processing, consumption, and public policy. A working group on plant proteins, initiated by Carnot Qualiment, Carnot Plant2Pro, and PlantAlliance, has summarized the obstacles and levers for the use of plant proteins and provided an overview of ongoing research, notably research combining genetics, agronomy, and processing. This interdisciplinary research, from farm to fork, will contribute to producing knowledge for the development of more sustainable and resilient agri-food systems.



© INRAE D. Aimé

Publication: *Agronomy for Sustainable Development*
doi.org/10.1007/s13593-025-01034-1

Contacts:

Karine Gallardo-Guerrero (BAP)
Catherine Renard (TRANSFORM, Carnot Plant2Pro)

Projet inter-départements INRAE :

BAP, TRANSFORM - Carnot Qualiment - Carnot Plant2Pro

Mots clés : Protéines végétales - Transition agroécologique - Transition alimentaire - Recherche transdisciplinaire

Keywords: Plant proteins - Agroecological transition - Food transition Transdisciplinary research

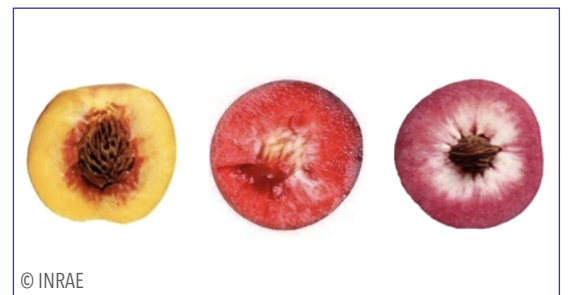


Un gène de la photosynthèse responsable de la chair sanguine des pêches

A photosynthesis-related gene is responsible for the blood-flesh of peaches

La coloration des fruits provient de pigments naturels qui protègent les plantes contre les stress et les attaques, tout en contribuant à leurs qualités nutritionnelles. Chez les pêches françaises dites "sanguines", la chair devient rouge vif en raison de l'accumulation d'anthocyanes au cours du développement du fruit. Le gène responsable a été identifié sur le chromosome 4 : *PpPSAK*, connu pour être impliqué dans la photosynthèse. Une délétion de 21 paires de bases dans ce gène semble provoquer cette coloration rouge. Un marqueur génétique a été développé pour détecter facilement cette mutation dans un panel de variétés et a permis de confirmer son lien avec le phénotype. L'expression de *PpPSAK* est également étroitement corrélée à celle des gènes qui régulent la production de pigments. Ces résultats révèlent un lien inattendu entre photosynthèse et coloration des fruits. Cette découverte offre de nouvelles perspectives pour comprendre l'évolution de la couleur des fruits et pour l'utiliser dans les programmes de sélection variétale.

Fruit coloration comes from natural pigments that protect plants against stress and attacks, while also contributing to their nutritional qualities. In French "blood-flesh" peaches, the flesh turns bright red due to the accumulation of anthocyanins during fruit development. The responsible gene was identified on chromosome 4: *PpPSAK*, involved in photosynthesis. A 21-base-pair deletion in this gene appeared to cause the red coloration. A genetic marker was developed to easily detect this mutation in a peach panel and allowed confirming its link to the trait. The expression of *PpPSAK* was closely correlated with gene's expression that regulate pigment production. These findings reveal an unexpected connection between photosynthesis and fruit coloration. This discovery opens new perspectives for understanding evolution of fruit color and for its use in breeding programs.



© INRAE

Publication: *Plant Science*

doi.org/10.1016/j.plantsci.2025.112572

Contact: Laure Heurtevin

Unité GAFL
Centre INRAE Provence-Alpes-Côte d'Azur

Mots clés : Chair sanguine - Pêche - Gène candidat - Régulation - Anthocyanes

Keywords: Blood-flesh peach - Candidate gene - Regulation - Anthocyanins

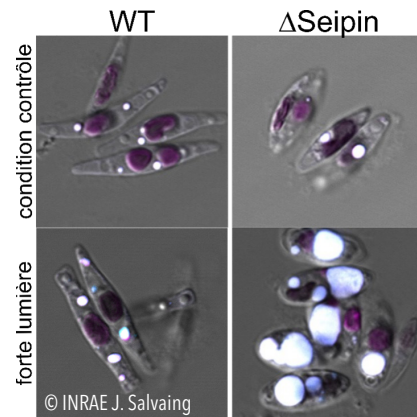


Fonction de la protéine Seipin dans la biogenèse des gouttelettes lipidiques chez la diatomée *Phaeodactylum tricornutum*

Function of Seipin in lipid droplets biogenesis in the diatom *Phaeodactylum tricornutum*

Les microalgues, et parmi elles les diatomées, accumulent de l'huile sous forme de gouttelettes lipidiques en réponse à des conditions environnementales défavorables. Cette propriété est étudiée pour diverses applications, notamment la production de biocarburants. Cependant, les mécanismes de formation de ces gouttelettes chez les microalgues sont encore très mal connus. Afin de mieux comprendre ces mécanismes, la protéine PtSeipin a été caractérisée chez la diatomée modèle *Phaeodactylum tricornutum* et l'étude a montré que, comme ses homologues chez les animaux et les plantes, cette protéine est un acteur majeur de la biogenèse des gouttelettes lipidiques. Alors que sa surexpression n'a pas d'effet majeur, sa suppression conduit à la formation de gouttelettes géantes et à une forte accumulation d'huile, en particulier après exposition à une forte lumière. Au-delà de la compréhension des mécanismes de biogenèse des gouttelettes lipidiques, ces résultats ouvrent des perspectives prometteuses pour la production de biocarburants.

Microalgae, including diatoms, accumulate oil in the form of lipid droplets in response to unfavorable environmental conditions. This property is being studied for various applications, particularly for biofuel production. However, the mechanisms underlying lipid droplet formation in microalgae remain poorly understood. To better understand these mechanisms, we characterized the PtSeipin protein in the model diatom *Phaeodactylum tricornutum* and demonstrated that, like its homologs in animals and plants, this protein plays a key role in lipid droplet biogenesis. While its overexpression has no major effect, its deletion leads to the formation of giant droplets and a strong accumulation of oil, especially after exposure to high light intensity. Beyond advancing our understanding of lipid droplet biogenesis, these findings open up promising perspectives for biofuel production.



Publication: *New Phytologist*
doi.org/10.1111/nph.70350

Contact: Juliette Salvaing
Unité LPCV
Centre INRAE Lyon-Grenoble Auvergne-Rhône-Alpes

Mots clés : Microalgues - Gouttelettes lipidiques - Biocarburants
Keywords: Microalgae - Lipid droplets - Biofuels

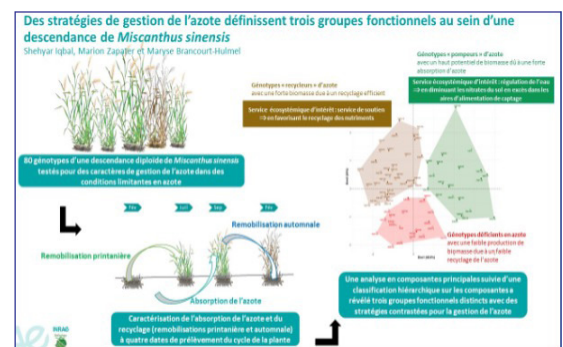


Gestion de l'azote par la culture de *Miscanthus sinensis* : vers de nouveaux services écosystémiques

Nitrogen management through the cultivation of *Miscanthus sinensis*: towards new ecosystem services

La culture pérenne de miscanthus a la particularité d'absorber l'azote du sol mais surtout de le recycler pour produire de la biomasse. Un enjeu est de produire beaucoup de biomasse tout en valorisant les impacts environnementaux positifs afin de rendre des services écosystémiques, c'est à dire utiles à l'homme. Pour viser un service écosystémique de régulation de l'eau autour des points de captage afin de préserver la qualité de l'eau distribuée aux habitants, l'idée est de rechercher des génotypes absorbant beaucoup d'azote pour extraire les nitrates en excès dans le sol. Pour viser un autre service dit de soutien, une autre possibilité est de trouver des génotypes recyclant au mieux l'azote. Dans une descendance de 80 individus diploïdes différents de *Miscanthus sinensis*, trois groupes présentant des stratégies de fonctionnement différentes ont été mis en évidence.

Perennial miscanthus crop has the unique ability to absorb nitrogen from the soil and, more importantly, recycle it to produce biomass. One challenge is to produce large amounts of biomass while maximizing positive environmental impacts in order to provide ecosystem services that are useful to humans. To achieve an ecosystem service of water regulation in catchment areas in order to preserve the quality of water distributed to inhabitants, the idea is to search for genotypes that absorb large amounts of nitrogen to extract excess of nitrates from of the soil. To achieve another service known as a support service, another possibility is to find genotypes that recycle nitrogen as efficiently as possible. In a progeny of 80 different diploid individuals of *Miscanthus sinensis*, three groups with different functioning strategies has been identified.



Publication: *GCB Bioenergy*
doi.org/10.1111/gcbb.70096

Contact: Maryse Hulmel
Unité BioEcoAgro
Centre INRAE Hauts-de-France

Mots clés : Biomasse - Miscanthus - Azote - Nitrates - Services écosystémiques - Qualité de l'eau
Keywords: Biomass - Miscanthus - Nitrogen - Nitrates - Ecosystem services - Water quality

Identifier, comprendre et mobiliser les fonctions et les traits des plantes à la base des services pour la santé humaine/animale et environnementale
Identify, understand, and mobilize the functions and traits of plants that underpin services for human/animal health and the environment.

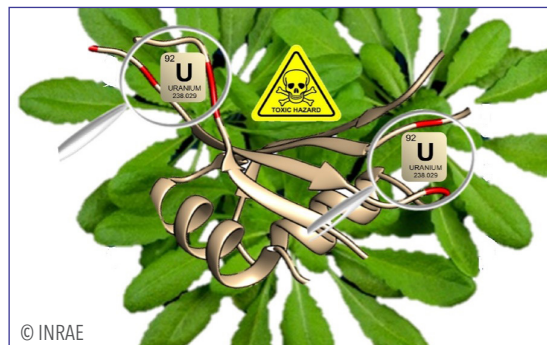
GOS 3 -

Identification et caractérisation de protéines affines pour l'uranium chez *Arabidopsis thaliana*

Identification and characterization of uranium-binding proteins in *Arabidopsis thaliana*

L'uranium (U) est un radionucléide naturel présentant une toxicité chimique pour les organismes vivants, notamment les plantes. Afin de comprendre les mécanismes moléculaires de sa toxicité, une approche métalprotéomique intégrée a été appliquée, combinant chromatographie, ionomique et protéomique haute résolution sur des cellules d'*Arabidopsis thaliana*. Cinquante-sept protéines susceptibles de lier l'uranium ont été identifiées, suggérant de nombreuses interactions U-protéines *in vivo*. Parmi celles-ci, la Glycine-Rich RNA-binding Protein 7 (GRP7) s'est révélée un candidat majeur. La protéine recombinante GRP7 lie l'ion uranyle selon une stœchiométrie 1:2 (protéine:métal). Des analyses RMN ont mis en évidence deux sites de liaison distincts et une coordination dynamique. La fixation de l'uranyle perturbe l'activité de liaison à l'ARN de GRP7, affectant potentiellement le métabolisme de l'ARN. Cette étude fournit la première description moléculaire des interactions U-protéines chez les plantes. GRP7 pourrait jouer un rôle clé dans la toxicité induite par l'uranium, ouvrant des perspectives pour l'évaluation des risques et la phytoremédiation.

Uranium (U) is a naturally occurring radionuclide with chemotoxic effects on living organisms, including plants. To elucidate its molecular toxicity mechanisms, an integrative metalloproteomic strategy was applied, combining chromatography, ionomic, and high-resolution proteomics in *Arabidopsis thaliana* cells. 57 candidate U-binding proteins have been identified, indicating widespread U-protein interactions *in vivo*. Among them, the Glycine-Rich RNA-binding Protein 7 (GRP7) emerged as a key target. Purified recombinant GRP7 binds U(VI) with a 1:2 protein-to-metal stoichiometry. NMR analyses revealed two distinct uranyl-binding sites and dynamic coordination. Uranyl binding disrupts GRP7's RNA-binding activity, potentially impairing RNA metabolism. This provides the first molecular insight into U-protein interactions in plants. GRP7 appears to mediate U-induced toxicity by interfering with gene regulation. These results have implications for understanding plant stress responses and developing phytoremediation strategies.



© INRAE

Publication: *Journal of Hazardous Materials*
doi.org/10.1016/j.jhazmat.2025.139163

Contact: Claude Alban
Unité LPCV
Centre INRAE Lyon-Grenoble Auvergne-Rhône-Alpes

Mots clés : Métalloprotéomique - Protéines à uranium - RMN en solution - Glycine-rich RNA-binding proteins - *Arabidopsis thaliana*

Keywords: Metalloproteomics - Uranium-binding proteins - Solution-state NMR - Glycine-rich RNA-binding proteins - *Arabidopsis thaliana*

Le transport du fer via les coumarines : une stratégie indépendante d'IRT1 pour l'acquisition du fer chez *Arabidopsis thaliana*

Coumarin-facilitated iron transport: An IRT1-independent strategy for iron acquisition in *Arabidopsis thaliana*

Le fer (Fe) est un nutriment essentiel à la croissance et au développement des plantes. Les plantes ont développé deux stratégies pour prélever le Fe présent dans le sol. Les espèces graminées libèrent des phytosidérophores (PS) dans la rhizosphère et absorbent le Fe sous forme de complexes Fe(III)-PS via des transporteurs spécifiques (stratégie II). Les espèces non graminées, telles que *Arabidopsis thaliana*, réduisent le Fe(III) en Fe(II) à la surface des racines et transportent le Fe(II) dans la racine via le transporteur à haute affinité IRT1 (stratégie I). De plus, ces espèces sécrètent dans la rhizosphère des coumarines à groupements catéchols, telles que la fraxétine, afin d'améliorer l'acquisition du Fe. Cette étude a mis en évidence que les complexes Fe-coumarine sont absorbés par les racines des plantes de manière analogue aux complexes Fe(III)-PS chez les espèces graminées, remettant ainsi en question le paradigme actuel de l'absorption du fer par les plantes, et suggérant un modèle plus unifié et plus flexible dans lequel les plantes de stratégie I peuvent utiliser des mécanismes de chélation du Fe(III) similaires à ceux de la stratégie II.

Iron (Fe) is an essential micronutrient for plant growth and development. Plants have evolved two main strategies to acquire Fe. Grass species release phytosiderophores (PS) into the rhizosphere and take up Fe as Fe(III)-PS complexes via specific transporters (strategy II). Non-grass species, such as *Arabidopsis thaliana*, reduce Fe(III) to Fe(II) at the root surface and transport Fe(II) into the root via the high-affinity transporter IRT1 (strategy I). Additionally, these species secrete catechol coumarins, such as fraxetin, into the rhizosphere to enhance Fe acquisition. In this study, it is shown that Fe-coumarin complexes are taken up by plant roots in a manner analogous to Fe(III)-PS complexes in grass species, thereby challenging the current paradigm for plant Fe uptake and suggesting a more unified and flexible model in which strategy I plants can utilize Fe(III)-chelating mechanisms similar to strategy II.



Publication: *Plant Communications*
doi.org/10.1016/j.xplc.2025.101431

Contact: Christian Dubos
Unité IPSiM
Centre INRAE Occitanie - Montpellier

Mots clés : Coumarines - Fraxine - Fer - Nutrition - *Arabidopsis*

Keywords: Coumarins - Fraxin - Iron - Nutrition - *Arabidopsis*

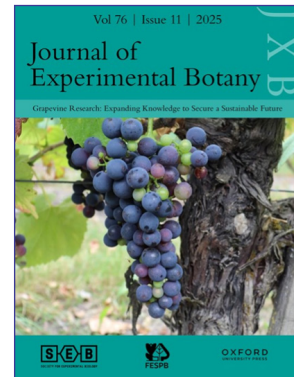


Un numéro spécial de la revue J. Exp. Bot. consacré aux fronts de sciences des recherches sur la vigne pour assurer un avenir durable à la filière

A special issue of the Journal of Experimental Botany devoted to the scientific frontiers of vine research to ensure a sustainable future for the industry

Trois scientifiques de l'unité EGFV ont contribué à l'édition d'un numéro spécial de la revue scientifique "Journal of Experimental Botany" sur la thématique : "les recherches sur la vigne : élargir les connaissances actuelles pour assurer un avenir durable à la filière". En plus de l'introduction des éditeurs et d'un hommage à un chercheur italien décédé en 2024, le numéro spécial comprend six articles de revue, un papier d'opinion et 10 articles de recherches. Dans le contexte des enjeux climatiques et environnementaux qui pèsent sur la culture de la vigne dans le monde, ce numéro spécial présente un éventail varié de travaux de recherche récents dans le domaine de la biologie de la vigne, couvrant des sujets tels que la génomique de la vigne et de ses principaux agents pathogènes, les maladies du tronc de la vigne, les performances du système racinaire et des porte-greffes, le développement des fruits, les interactions mycorrhiziennes, la phénologie et les réponses aux stress multiples.

Three scientists from the EGFV unit edited a special issue of the scientific journal Journal of Experimental Botany on the theme of grapevine research and expanding current knowledge to ensure a sustainable future for the sector. In addition to the editors' introduction and a tribute to an Italian researcher who died in 2024, the special issue includes six review articles, an opinion piece, and 10 research articles. In the context of the climatic and environmental challenges facing grapevine cultivation around the world, this special issue presents a wide range of recent research in the field of grapevine biology, covering topics such as the genomics of grapevines and their main pathogens, grapevine trunk diseases, root system and rootstock performance, fruit development, mycorrhizal interactions, phenology, and responses to multiple stresses.



Publication: *Journal of Experimental Botany*
doi.org/10.1093/jxb/eraf164

Contacts: Sarah Cookson
Unité EGFV
Centre INRAE Nouvelle Aquitaine - Bordeaux

Mots clés : Vigne - Réponses au stress - Interactions abiotiques et biotiques - Génomique - Génétique
Keywords: Grapevine - Stress responses - Abiotic and biotic interactions - Genomics - Genetics



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

Improving plants
and stands
by mobilizing selection
tools for innovative
cropping systems

- » Axis 4.1 - Support and promotion of new alleles, new traits, new objects, and new species
- » Axis 4.2 - Development of tools to assist in the selection and evaluation of innovation



Inscription au catalogue de deux variétés de blé tendre adaptées à l'agriculture biologique

Registration in the catalog of two bread wheat varieties suitable for organic farming

La section céréales à paille du CTPS a validé, le 23 octobre 2025, la proposition faite au Ministre de l'Agriculture d'inscrire sur la liste A du catalogue français deux nouvelles variétés de blé tendre d'hiver avec la mention "adaptée à l'Agriculture Biologique" : Gyros et Geek. Ces variétés issues du programme de sélection conduit par l'INRA, puis INRAE, et Agri Obtentions répondent à la culture en agriculture biologique pour des usages distincts. La variété Gyros, demi-précoce à épiaison, se caractérise par un profil productif extensible, peu commun parmi les variétés disponibles sélectionnées pour l'agriculture biologique. La variété Geek, demi-tardive à épiaison, se caractérise par un profil productif multi-résistant, incluant un bonus de résistance à la septoriose et un bonus de résistance au piétin-verse. La variété Geek a été classée première du réseau en agriculture biologique avec un rendement correspondant à 112.1 % du rendement des témoins.

The small grain cereals section of the Permanent Technical Committee for the Breeding of Crop Plants (CTPS) has validated, on October 23, 2025, the proposal that will be made to the Ministry of Agriculture to include two new varieties of winter bread wheat on list A of the French catalog with the mention "suitable for organic farming" : Gyros and Geek. These varieties, resulting from the breeding program led by INRA, then INRAE and Agri-Obtentions, are suitable for organic farming for different end-uses. The variety Gyros, a semi-early heading variety, is characterized by an extensible quality profile, uncommon among the available varieties for organic farming. The variety Geek, a semi-late heading variety, is characterized by a multi-resistant profile, including a bonus of resistance to septoria disease and a bonus of resistance to eyespot disease. The variety Geek was ranked first in the network in organic farming, with a yield corresponding to 112.1 % of that of the control varieties.



© INRAE R. Perronne

Innovation variétale : Agri Obtentions procède à la commercialisation de ces deux variétés

Contacts : Rémi Perronne, Bernard Rolland, François-Xavier Oury, Clément Debiton, Emmanuel Heumez, Jacques Le Gouis
 Unités IGEPP, GDEC et GCIE

Mots clés : Agroécologie - Sélection variétale - Agriculture biologique

Keywords : Agroecology - Crop breeding - Organic farming

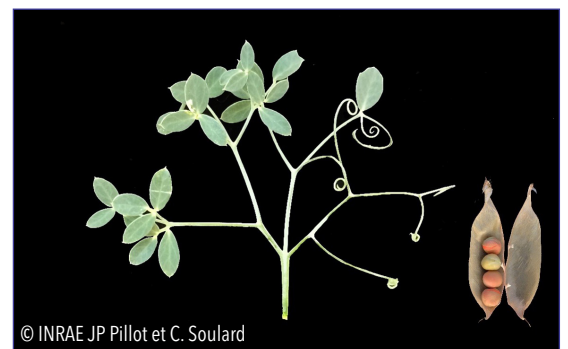


Mise au point d'une méthode d'édition des génomes permettant d'accélérer l'innovation variétale chez le pois

Development of a genome editing method to accelerate varietal innovation in peas

Les légumineuses sont importantes pour l'alimentation humaine et animale, constituant une excellente source de protéines végétales. De plus, leur culture présente des avantages environnementaux et agronomiques. Le pois, en particulier, est la première légumineuse cultivée en France, mais le développement de sa culture fait face à plusieurs défis. Pour les relever, INRAE développe des outils et des ressources visant à mieux comprendre la façon dont les plantes se développent et s'adaptent et à accélérer l'innovation variétale, mais, jusqu'à présent, ces efforts étaient limités par la récalcitrance de cette espèce à la transformation génétique. Des équipes du centre INRAE IdF-Versailles-Saclay ont mis au point un protocole de transformation et d'édition du génome du pois, levant ainsi un important verrou pour la recherche et la création variétale.

Legumes are important for human and animal nutrition, as they are an excellent source of plant protein. In addition, their cultivation offers environmental and agronomic benefits. Peas, in particular, are the most widely grown legume in France, but their cultivation faces several challenges. To address these challenges, INRAE is developing tools and resources aimed at improving understanding of how plants work and accelerating varietal innovation, but until now, these efforts have been limited by the recalcitrance of this species to genetic transformation. Teams at the INRAE IdF-Versailles-Saclay centre have developed a protocol for transforming and editing the pea genome, thereby removing a major obstacle to research and varietal creation.



© INRAE JP Pillot et C. Soulard

Publication : *Plant Biotechnol. J*
 doi.org/10.1111/pbi.70091

Contacts : Alexandre de Saint Germain, Fabien Nogué
 Unité IJPB
 Centre INRAE Île-de-France - Versailles-Saclay

Mots clés : Pois - Edition génétique - Amélioration des plantes - Innovation variétale - Légumineuse

Keywords : Peas - Genetic editing - Plant breeding - Varietal innovation - Legume

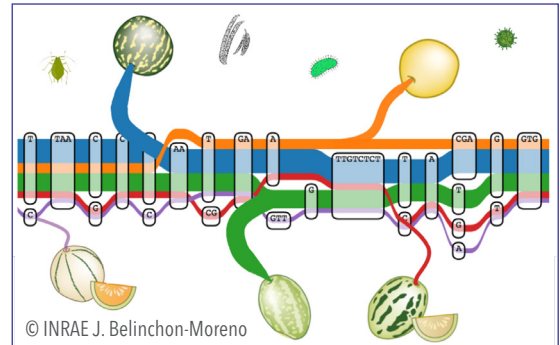


Un séquençage innovant pour caractériser la diversité des gènes d'adaptation

Innovative sequencing to characterize the diversity of adaptation genes

L'assemblage de régions génomiques complexes reste difficile avec le séquençage à fragments courts. Le séquençage de fragments longs offre une meilleure résolution, mais leur coût limite leur usage à grande échelle. Le séquençage ciblé à lecture longue (NAS, Oxford Nanopore) représente une alternative efficace et économique. Appliquée au melon, cette méthode a permis de cibler 15 régions représentant 1,6 % du génome mais contenant 95 % des gènes de l'immunité. Le protocole EPGV montre un taux d'enrichissement élevé (2,5 à 12) des régions ciblées et une bonne efficacité sur des lignées éloignées de la référence. L'assemblage haute qualité révèle des gènes absents des données WGS classiques. Cette méthode surpasse les approches comme la capture par hybridation ou Cas9, et ouvre la voie à l'étude du 'cloud genome', réservoir de diversité génétique pour l'adaptation aux stress. Ce réservoir servira la sélection de cultivars résistants, en phase avec la transition agroécologique.

Assembling complex genomic regions remains difficult with short-read sequencing. Long-read sequencing offers better resolution, but its cost limits its large-scale use. Targeted long-read sequencing (NAS, Oxford Nanopore) is an effective and economical alternative. Applied to melon, this method has enabled the targeting of 15 regions representing 1.6% of the genome but containing 95% of the immunity genes. The EPGV protocol shows a high enrichment rate (2.5 to 12) of the targeted regions and good efficiency on lines distant from the reference. High-quality assembly reveals genes absent from conventional WGS data. This method outperforms approaches such as hybridization capture or Cas9, and paves the way for the study of the 'cloud genome', a reservoir of genetic diversity for adaptation to stress. This reservoir will be used to select resistant cultivars, in line with the agroecological transition.



Publications:

BMC Genomics doi.org/10.1186/s12864-025-11295-5
Genes|Genomes|Genetics: doi.org/10.1093/g3journal/jkaf098

Contacts: Nathalie Boissot, Patricia Faivre-Rampant
 Unités GAFL & EPGV
 Centre INRAE Provence-Alpes-Côte d'Azur
 Centre INRAE Île-de-France - Versailles-Saclay

Mots clés : Melon - Séquençage - NAS - Nanopore
 Adaptive Sampling - Immunité du gène de résistance NLR
Keywords: Melon - Sequencing - NAS - Nanopore
 Adaptive Sampling - NLR resistance gene immunity



Les pommes durables du futur arrivent : déjà des millions d'arbres d'Inored-Story® et ses sœurs plantés

The sustainable apples of the future are coming: millions of Inored-Story® trees and its sister varieties have already been planted

INRAE et la S.A.R.L. Novadi annoncent le succès des nouvelles variétés de pommier sélectionnées pour leur bon comportement à la tavelure : Inogo-Lory®, Inobi-Galy® et Inolov-Mandy® et Inored-Story® ; cette dernière connaît déjà un essor spectaculaire avec plus de 6,6 millions d'arbres plantés en France et à l'international. Ces variétés permettent de réduire jusqu'à 30 % des traitements phytosanitaires, répondant aux enjeux de durabilité et aux objectifs du plan Ecophyto. Les premiers fruits issus de ces vergers sont progressivement arrivés sur les étals ces dernières années, offrant aux consommateurs des pommes de qualité et aux arboriculteurs des arbres produisant un grand nombre de fruits commercialisables avec un faible recours aux intrants. Ce succès repose sur un partenariat stratégique : INRAE développe les bases scientifiques et le pré-breeding, tandis que Novadi assure la diffusion commerciale. Une avancée majeure pour la filière fruitière et la transition agroécologique.

INRAE and Novadi S.A.R.L. are announcing the success of four new apple tree varieties selected for their resistance to scab: Inogo-Lory®, Inobi-Galy®, Inolov-Mandy® and Inored-Story® from their collaborative breeding program. The latter variety is already experiencing spectacular growth, with over 6.6 million trees having been planted in France and abroad. These varieties reduce the need for phytosanitary treatments by up to 30%, thereby addressing sustainability challenges and the objectives of the Ecophyto plan. The first fruits from these orchards have gradually appeared on market stalls in recent years, offering consumers high-quality apples and providing fruit growers with a higher packout and minimal use of inputs. This success is based on a strategic partnership: INRAE develops the scientific basis and pre-breeding, while Novadi handles commercial distribution. This is a significant development for the fruit industry and the transition to agroecology.



Innovation variétale : La SARL Novadi assure la diffusion et la valorisation de ces nouvelles variétés

Contact: François Laurens
 Unité IRHS
 Centre INRAE Pays de la Loire

Mots clés : Pommier - Innovation variétale - Durabilité - Agroécologie
Keywords: Apple tree - Varietal innovation - Sustainability - Agroecology

Identification du premier locus associé à la sensibilité à l'Esca chez la vigne

Discovery of a locus associated with susceptibility to Esca in grapevine

L'Esca est la maladie du bois la plus destructrice et la plus répandue de la vigne. Les symptômes chroniques ainsi que la mortalité des vignes qu'elle provoque entraînent des pertes économiques considérables et menacent la pérennité des vignobles à travers le monde. Bien que des différences de sensibilité à l'Esca aient déjà été observées entre les variétés de vigne, aucun facteur génétique pouvant expliquer ces variations n'avait jusqu'à présent été mis en évidence. À partir d'un phénotypage destructif d'une descendance d'un croisement entre Riesling et Gewurztraminer après seize ans de culture, un locus présent sur le chromosome 1 du cépage Gewurztraminer lié aux variations de la nécrose du tronc associée à l'Esca a été identifié. Ce locus, nommé "Esca Necrosis Susceptibility 1" (ENS1), est le premier facteur génétique identifié comme étant lié à l'Esca.

Esca is the most destructive and prevalent grapevine trunk disease. The chronic infections and vine mortality caused by Esca syndrome result in significant economic losses and endanger the sustainability of vineyards worldwide. Although differences in susceptibility to Esca have already been observed between grapevine varieties, no genetic factors explaining these variations had been identified until now. Based on destructive phenotyping of a sixteen-year-old Riesling × Gewurztraminer progeny a locus on chromosome 1 of the Gewurztraminer grape variety linked to variations in trunk necrosis associated with Esca was identified. This locus, named 'Esca Necrosis Susceptibility 1' (ENS1), is the first genetic factor identified to be linked to Esca.



Publication: *Plant Disease*
doi.org/10.1094/PDIS-06-24-1258-RE

Contact: Guillaume Arnold
Unité SVQV, Centre INRAE Grand-Est - Colmar

Mots clés : Vigne - Esca - Déterminisme génétique
Keywords: Vine - Esca - Genetic determinism

Déterminisme génétique de la résistance de la luzerne à l'anthraxose

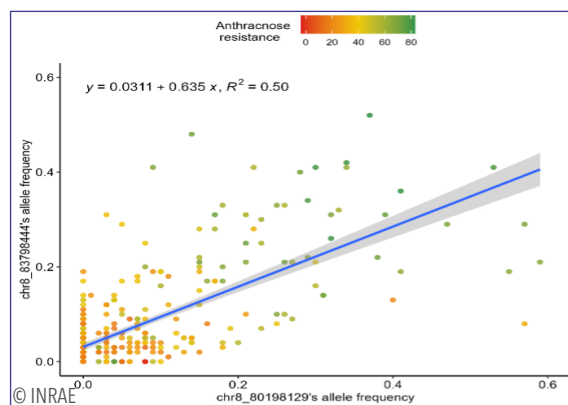
Les services écosystémiques fournis par la luzerne, une légumineuse fourragère importante, peuvent être compromis par sa sensibilité aux maladies. Afin de fournir aux sélectionneurs des outils pour développer des variétés hautement résistantes, le contrôle génétique de la résistance à l'anthraxose a été étudié dans un ensemble de 417 accessions. Une grande variation de la résistance à l'anthraxose a été observée, les variétés plus récentes étant plus résistantes que les plus anciennes. Six loci quantitatifs contrôlaient 58 % de la variation, tandis que la corrélation entre les valeurs prédites par la prédiction génomique et les phénotypes atteignait 0,85. Ces résultats sont prometteurs pour l'utilisation de marqueurs visant à améliorer la résistance de la luzerne à l'anthraxose dans les programmes de sélection.

QTL detection and genomic prediction for resistance to anthracnose in lucerne

The ecosystem services provided by lucerne, an important forage legume, can be compromised by disease susceptibility. In order to provide plant breeders with tools to develop highly resistant varieties, the genetic control of anthracnose resistance was investigated in a set of 417 accessions. A large range of variation for anthracnose resistance was found, with newer varieties being more resistant than older ones. Six quantitative trait loci controlled 58% of the variation, while the correlation between predicted values by genomic prediction and phenotypes reached 0.85. These results are promising for the use of markers to improve lucerne for anthracnose resistance in breeding programs.

Solution
Déployée en 2025

GOS BAP : 1 2 4



Publication: *The Plant Genome*
doi.org/10.1002/tpg2.70085

Contact: Bernadette Julier
Unité P3F
Centre INRAE Nouvelle-Aquitaine Poitiers

Mots clés : Luzerne - Légumineuse - Fourrage - Résistance - Maladie - QTL - Prédiction génomique - Génétique translationnelle - Marqueur

Keywords: Alfalfa - Lucerne - Legume - Forage - Resistance - Disease - QTL - Genomic prediction - Translational genetics - Marker



Communiqués de presse



© AGRI OBTENTIONS

Contacts:

Jacques Le Gouis
Rémi Perronne
Emmanuel E. Heumez
Unités GDEC, IGEPP, GCIE

[Lire le communiqué >>>](#)

INRAE et sa filiale Agri Obtentions annoncent l'arrivée sur le marché d'une variété de blé tendre multi-performante

Les agriculteurs des grands bassins de production du Nord de la France et du Bassin parisien disposeront pour le semis de l'automne 2025 d'une nouvelle variété de blé tendre d'hiver. Nommée GEOPOLIS, cette variété se caractérise non seulement par un rendement très élevé et un excellent taux de protéines, mais est aussi l'une des premières variétés de blé considérée comme agroécologique : elle est résistante aux maladies telles que la septoriose, le piétin-verse et la rouille brune, et

est efficace pour valoriser la fertilisation azotée. Fruit de 10 années de recherche et d'expérimentations menées par les équipes d'INRAE, cette innovation variétale désormais inscrite au Catalogue officiel des espèces et variétés de plantes cultivées en France, est l'un des plus gros lancements d'Agri Obtentions de ces dernières années, avec une surface de culture potentielle estimée à 30 000 hectares dès la récolte 2026.

INRAE and its subsidiary Agri Obtentions announce the commercial launch of a highly productive multi-resistant bread wheat variety

Farmers in the main production areas of northern France and the Paris Basin will have a new bread winter wheat variety available for sowing in autumn 2025. Named GEOPOLIS, this variety not only features very high yields and excellent protein levels, but is also one of the first wheat varieties to be considered agroecological, being resistant to diseases such as septoria leaf blotch, eyespot and leaf rust and efficient in terms

of nitrogen fertiliser use. This varietal innovation, the result of 10 years of research and experimentation by INRAE teams, now registered in the Official Catalogue of Species and Varieties of Cultivated Crops in France, is one of Agri Obtentions' most important launches in recent years, with an estimated potential growing area of 30,000 hectares beginning with the 2026 harvest.



Contact: Bernadette Julier
Unité P3F
Centre INRAE Nouvelle-Aquitaine Poitiers

[Lire le communiqué >>>](#)

Une sélection compétitive des légumineuses pour une production durable de protéines végétales en Europe

Sélectionner des légumineuses européennes de manière plus compétitive et durable : c'est l'objectif du projet européen de recherche BELIS, qui vise notamment à développer des outils de sélection plus efficaces, améliorer l'environnement économique et réglementaire de la sélection

des légumineuses et assurer un transfert efficace des innovations grâce à une plateforme collaborative pour le partenariat public-privé. La réunion annuelle des 34 partenaires s'est tenue du 9 au 11 septembre 2025 à Novi-Sad en Serbie.

European legume breeding is taken to next level for competitive seed market and sustainable protein production

Enhancing the competitiveness and sustainability of European legume breeding activities and output is the goal of the BELIS innovation project launched in October 2023. The project's key objectives are to develop cost-effective breeding tools, improve the economic and regulatory environment for legume breeding, and ensure efficient innovation transfer through a collaborative platform for public private

partnership. The BELIS project held its annual meeting from 9-11 September at the premises of the Institute of Field and Vegetable Crops (IFVC) in Novi-Sad, Serbia. The meeting is gathering together all the project partners to present advancements achieved so far, to plan for next activities and to reflect on some of the key avenues for improving and innovating in legume breeding.

Ouvrages

Books



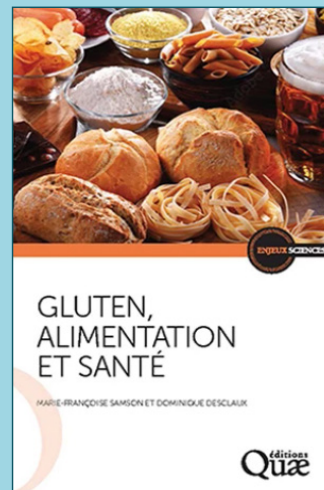
Gluten, alimentation et santé

Issu de l'hydratation et du malaxage de la farine de blé, d'orge ou de seigle, les propriétés technologiques du gluten sont nombreuses. Pourtant, il suscite autant d'intérêt que de méfiance. Cet ouvrage explore la place du gluten dans l'histoire et fait le point sur les connaissances actuelles. Il en présente la structure, les méthodes de production, les multiples usages. Les produits sans gluten, les pathologies associées aux protéines des blés et les solutions pour en réduire la toxicité sont aussi abordés.

Les céréales anciennes contiennent-elles du gluten ? Est-il différent de celui des industriels ? Se digère-t-il mieux ? Autant de questions s'adressant aux consommateurs avertis et aux professionnels des filières céréalières qui offrent un tour d'horizon aussi complet que rigoureux sur le sujet. Ce livre démêle idées reçues et connaissances scientifiques sur le gluten. Un regard accessible et documenté pour comprendre ses usages et ses effets sur la santé.

Gluten, diet, and health

Produced by hydrating and kneading wheat, barley, or rye flour, gluten has many technological properties. However, it arouses as much interest as it does mistrust. This book explores the place of gluten in history and reviews current knowledge. It presents its structure, production methods, and multiple uses. Gluten-free products, diseases associated with wheat proteins, and solutions for reducing their toxicity are also discussed. Do ancient grains contain gluten? Is it different from the gluten found in industrial products? Is it easier to digest? These are just some of the questions addressed to informed consumers and professionals in the cereal industry, offering a comprehensive and rigorous overview of the subject. This book separates fact from fiction when it comes to gluten. It provides an accessible and well-researched insight into its uses and effects on health.



Publication: *Éditions Quæ*
 Ref livre papier : 03012 ; Ref eBook : 03012NUM
<https://www.inrae.fr/actualites/gluten-alimentation-sante>

Contacts: Dominique Desclaux
 Marie-Françoise Samson
 Unités Diascope et IATE
 Centre INRAE Occitanie Montpellier



L'entreprise robuste – Pour une alternative à la performance

Compétitivité débridée, flux tendu, agriculture de précision, smart cities... Paradoxalement, l'âge de l'optimisation, de la performance et du contrôle rend notre monde toujours plus fluctuant : méga-feux, dérive sécuritaire, guerre mondialisée. En s'inspirant des êtres vivants, nous pourrions apprendre une autre façon d'habiter la Terre. Alors que les sociétés humaines modernes ont mis l'accent sur l'efficacité et l'efficience au service du confort individuel, la vie se construit plutôt sur les vulnérabilités, les lenteurs, les incohérences... c'est-à-dire des contre-performances, au service de la robustesse du groupe. Un contre-programme ? Croisant les regards d'un biologiste et d'experts des organisations, ce livre révèle les failles du dogme obsolète de la maximisation des profits et de la performance. Adaptabilité, circularité, coopération... le monde vivant montre qu'un autre chemin est possible. Des entreprises pionnières ont donné à leur business model un objectif premier : le respect du territoire écologique et social.

L'entreprise robuste – Pour une alternative à la performance

Unbridled competition, just-in-time production, precision agriculture, smart cities... Paradoxically, the age of optimization, performance, and control makes our world ever more fragile: megafires, security drift, global war. By drawing inspiration from living beings, we could learn another way of inhabiting the Earth. While modern human societies have emphasized efficiency in the service of individual comfort, life is built instead on vulnerabilities, slowness, inconsistencies—in other words, underperformance—in service of the group's robustness. A counter-program? Combining the perspectives of a biologist and organizational experts, this book reveals the flaws in the obsolete dogma of profit maximization and performance. Adaptability, circularity, cooperation... the living world shows that another path is possible. Pioneering companies have given their business models a primary objective: respect for the ecological and social environment.



Ouvrage: *Ed. Odile Jacob*
 EAN13 : 9782415010942

Contacts: Olivier Hamant,
 Olivier Charbonnier,
 Sandra Enlart
 Unité RDP
 Centre INRAE Lyon-Grenoble
 Auvergne-Rhône-Alpes

Faits marquants 2025

Highlights 2025

Médiation
scientifique

Science
outreach



Atelier Des Plantes et des Hommes, des milliers de collégiens et de lycéens visitent des laboratoires en Île-de-France

Le programme "Des Plantes et des Hommes" développé par le réseau Sciences des Plantes de Saclay (SPS) poursuit son engagement auprès des collégiens et des lycéens. Depuis 2022, il a permis à 3 300 élèves de découvrir la recherche en biologie végétale grâce à l'implication de plus de 50 scientifiques du réseau SPS. Chaque visite propose un atelier ludique et interactif sur la domestication des plantes et les transitions agricoles, suivi d'une visite dans un laboratoire. Les élèves observent le quotidien des chercheurs, découvrent la diversité des métiers et comprennent le rôle essentiel des plantes pour l'humanité. Pour les enseignants, l'atelier constitue un outil précieux, en lien direct avec les programmes scolaires.



Workshop Plants and People, thousands of high-school students visit laboratories in Île-de-France

The program entitled "Des Plantes et des Hommes" (Plants and People) developed by the Saclay Plant Sciences (SPS) network maintains its commitment to high school students. Since 2022, it welcomed 3,300 students to discover plant biology research thanks to the involvement of more than 50 scientists from the SPS network. Each visit includes a playful and interactive workshop on plant domestication and agricultural transitions, followed by a visit in a laboratory. Students observe the daily life of in a research lab, discover its diversity of jobs, and understand the essential role of plants for humanity. For teachers, the workshop is a valuable tool that ties in directly with the school curriculum.

Contact: Pierre Hilson
Unité IJPB
Centre INRAE Île-de-France - Versailles-Saclay

Mots clés : Médiation scientifique - Domestication des plantes - Biologie végétale - Scolaire
Keywords: Science outreach - Plant domestication - Plant biology - Education

Une formation en ligne pour les enseignants abordant Domestication, sélection et biotechnologies végétales

Le réseau Saclay Plant Sciences (SPS), avec le soutien d'INRAE et en partenariat avec l'académie de Versailles, a construit une série de webinaires mensuels sur le thème de la domestication, de la sélection et des biotechnologies végétales. Cette formation, accessible en auto-inscription, est ouverte à l'ensemble des enseignants de Sciences de la vie et de la terre et du champ Biotechnologies, sciences et techniques médico-sociales à l'échelle nationale, sous la forme d'un parcours Magistère. Fin novembre 2025, près de 600 participants étaient inscrits à ce programme. Les objectifs sont (1) d'actualiser leurs connaissances scientifiques grâce aux exposés et interactions avec des chercheurs experts ; (2) de permettre aux enseignants d'éclairer des débats sociétaux dans ce périmètre ; (3) de leur proposer des ressources pédagogiques en lien avec les programmes ; (4) de les familiariser avec les métiers de la recherche afin qu'ils puissent accompagner les élèves dans leur orientation.



An online training course for high-school science teachers about plant domestication, breeding and biotechnologies

The Saclay Plant Sciences (SPS) network, with the support of INRAE and in partnership with the Versailles academy, has developed a series of monthly webinars on the topic of plant domestication, breeding, and biotechnology. This self-enrollment training program is open to all teachers of Life and earth sciences (SVT) and in the fields of Biotechnology, health and social sciences and techniques (STVST) nationwide. By the end of November 2025, nearly 600 participants were registered for this program. Its objectives are (1) to update their scientific knowledge in the areas covered through presentations and interactions with expert researchers; (2) to enable teachers to shed light on societal debates within this scope; (3) to offer them pedagogical resources linked to the education programs; and (4) to familiarize them with jobs in research so that they can support students in their career choices.

Contact: Pierre Hilson
Unité IJPB - Centre INRAE Île-de-France - Versailles-Saclay

Mots clés : Domestication des plantes - Biologie et biotechnologie végétales - Formation des enseignants - Parcours Magistère de l'éducation nationale
Keywords: Plant domestication - Plant biology and biotechnology - Training of middle- and high-school teachers - National education - Online resources

Prix

Awards



Catherine Bellini, lauréate du Prix Rosén Linné de Botanique 2025 pour ses contributions à la biologie végétale et son engagement international

Les prix Rosén Linné sont décernés tous les trois ans à deux chercheurs méritants en botanique et zoologie résidant en Suède. En 2025, le prix Rosén Linné de Botanique est décerné à Catherine Bellini en reconnaissance de ses travaux de recherches et de son investissement pour la promotion de la recherche internationale.

Catherine Bellini, winner of the 2025 Rosen Linne prize in Botany for her contributions to plant biology and international engagement

The Rosén Linné Awards are presented every three years to two deserving researchers in botany and zoology residing in Sweden. In 2025, the Rosén Linné Award in Botany will be presented to Catherine Bellini in recognition of her research work and her commitment to promoting international research.



Contact: Catherine Bellini
Unité IJPB
Centre INRAE Île-de-France - Versailles-Saclay

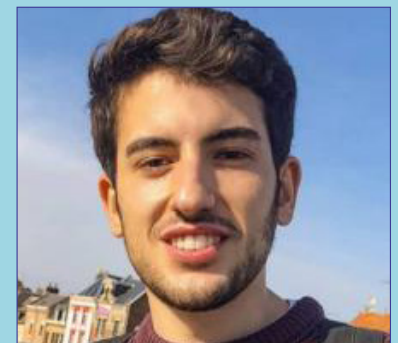


Javier Belinchon-Moreno, lauréat du prix EPSO Young Plant Scientist Award 2025

Grâce à son travail sur la diversité génétique et fonctionnelle des gènes de résistance NLR chez le melon, Javier Belinchon-Moreno, jeune scientifique INRAE à l'unité GAFL, a été récompensé dans la catégorie recherche appliquée sur les plantes.

Javier Belinchon-Moreno, winner of the EPSO Young Plant Scientist Award 2025

Thanks to his work on the genetic and functional diversity of NLR resistance genes in melons, Javier Belinchon-Moreno, a young INRAE scientist at the GAFL unit, was recognised in the applied plant research category.



Contact: Javier Belinchon-Moreno
Unité GAFL, Centre INRAE Provence-Alpes-Côte d'Azur



Théo Leprévost, lauréat de la médaille d'Argent Dufrenoy de l'Académie d'Agriculture de France, pour ses travaux sur la résistance à Aphanomyces chez les légumineuses

Des avancées significatives dans la découverte de marqueurs et gènes associés à la résistance quantitative à *Aphanomyces euteiches* chez le pois, la féverole, la lentille et *Medicago truncatula*, ont été primés dans le cadre de la thèse de Théo Leprévost par l'Alliance Agreenium et l'Académie d'Agriculture de France.

Théo Leprévost, winner of the Dufrenoy Silver Medal from the French Academy of Agriculture, for his work on Aphanomyces resistance in legumes

Significant advances in the discovery of markers and genes associated with quantitative resistance to *Aphanomyces euteiches* in pea, faba bean, lentil and *Medicago truncatula*, were awarded as part of Théo Leprévost's PhD thesis by the Agreenium Alliance and the French Academy of Agriculture.



Contact: Marie-Laure Pilet-Nayel
Unité IGEPP, Centre INRAE Bretagne - Normandie



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,
Estelle Merel, Laurence Piguel, Katarzyna Rakoczy,
Raphaële Riffart, Norbert Rolland, Elodie Vin

Réalisation

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