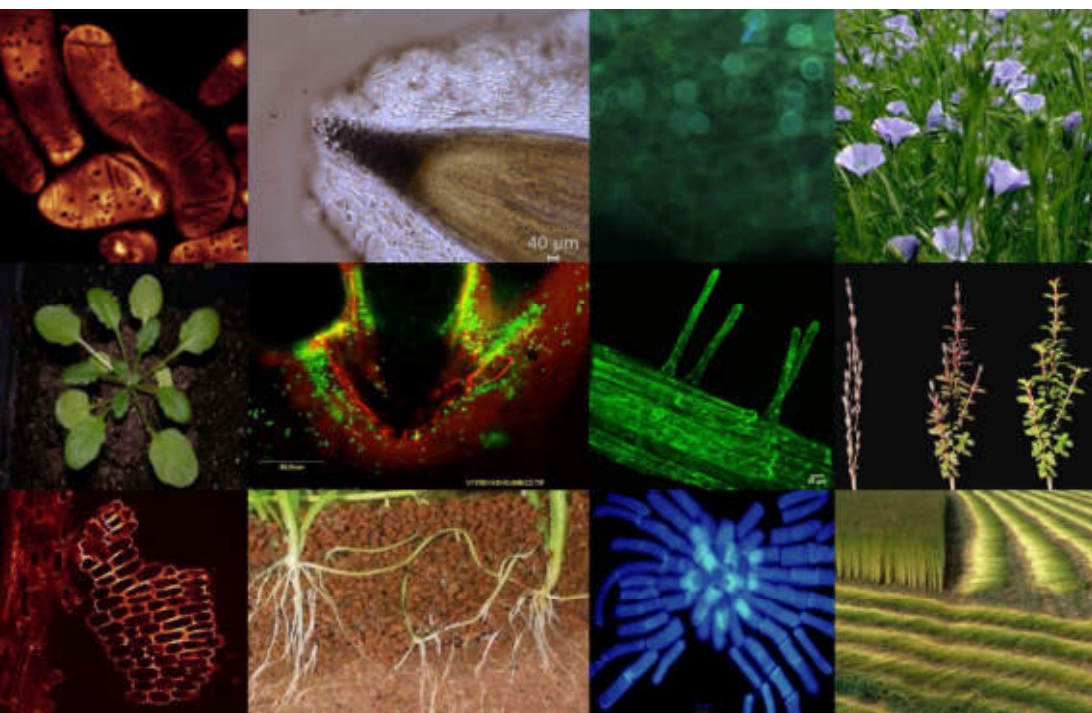


6^{èmes} Journées scientifiques




de la SFR NORVEGE FED 4277
et de l'entente franco-québécoise NOR-SÈVE

Protection et Santé des plantes ● Interaction plantes microorganismes ● Fonctionnement du sol ● Croissance et nutrition des plantes ● Bioproduction à visée thérapeutique et valorisation de la biomasse ●



9 et 10 juin 2026

CURIB

Mont Saint Aignan



UNIVERSITÉ
CAEN
NORMANDIE

UniLaSalle
Institut Polytechnique



Centre SÈVE
RECHERCHE EN SCIENCES DU VÉGÉTAL

Remerciements :



Programme des Journées scientifiques 2026 de la SFR NORMANDIE VEGETAL et de l'entente franco-québécoise NOR-SÈVE

Jour 1 – 9 juin 2026

Accueil à l'Université de Rouen (Mont Saint Aignan) à partir de 8h45 - café de bienvenue

9h15 – Accueil par la présidence de l'URN / direction UFR ST / laboratoire GlycoMEV

9h30 – Introduction par la direction de la SFR NORVEGE : 15 minutes

9h45 – Session Protection & Santé des plantes – partie 1

modérateurs : Annette Bertrand (EVA) et Azeddine Driouich (GlycoMEV)

[Conférence invitée \(Pierre Harvey, SEVE ● page 9\) de 20 min + 10 min de questions](#)

[2 conférences de 10 min + 5 min de questions](#)

- From in vitro to greenhouse: Validating a Plant Extract Biocontrol against *Phytophthora infestans* (A. Gauthier ● page 10)

- VERAGROW, des biosolutions au service de la transition agroécologique (M. Gotté ● page 11)

10h45 - Pause café & Session de Posters

11h15 – Session Protection & Santé des plantes – partie 2

modérateurs : Annette Bertrand (EVA) et Azeddine Driouich (GlycoMEV)

[3 conférences de 10 min + 5 min de questions](#)

- Présentation des activités du Centre Mondial de l'Innovation Roullier (E. Nguéma-Ona ● page 12)

- Modulation du microbiome foliaire par un biostimulant et impact sur la croissance précoce du maïs (M. Bouteiller ● page 13)

- Amélioration de la résilience du maïs à la sécheresse par un prébiotique du sol modulant les interactions plante-microbiote (A. Alahmad ● page 14)

12h00 – Repas – buffet

14h00 – Session Interaction plantes microorganismes – partie 1

modératrices : Barbara Pawlak (GlycoMEV) et Annabelle Mérieau (CBSA)

[Conférence invitée \(Martin Filion, SEVE ● page 16\) de 20 min + 10 min de questions](#)

[4 conférences de 10 min + 5 min de questions](#)

- Effet des exsudats racinaires sur la formation de biofilm de deux rhizobactéries favorisant la croissance des plantes (B. Barbault ● page 17)

- Enhancing quorum quenching-mediated biocontrol by *Rhodococcus erythropolis* R138 through exploitation of communication systems (C. Barbey ● page 18)

- Etude d'une nouvelle toxine dans l'activité de biocontrôle du système de sécrétion de type 6 de *Pseudomonas fluorescens* MFE01 (N. Jordier ● page 19)

- Pilotage fonctionnel des microbiotes dans les trajectoires agroécologiques (M. Bressan ● page 20)

15h30 - Pause café & Session de Posters

16h00 – Session Interaction plantes microorganismes – partie 2

modératrices : Barbara Pawlak (GlycoMEV) et Annabelle Mérieau (CBSA)

[Conférence invitée \(Agnès Attard, INRAE • page 21\) de 20 min + 10 min de questions](#)

[2 conférences de 10 min + 5 min de questions](#)

- Développement d'une technique innovante de microfluidique pour étudier l'assemblage précoce du microbiote rhizosphérique (E. Fourneau • page 22)
- Remodelage des arabinogalactanes protéines racinaires du pois (*Pisum sativum*) et de la féverole (*Vicia faba*) lors des étapes précoces de l'infection par *Aphanomyces euteiches* (V. Lemaitre • page 23)

17h00 – Session Affiches & Evening event

- Session d'Affiches : les projets de la SFR Normandie Végétale / Mise en perspective avec l'Entente NOR-SÈVE / Affiches sélectionnées sur la base des résumés • page 42
- Discussions, échanges & débats autour des Affiches

Fin à 18h00

Jour 2 – 10 juin 2026

9h00 – Accueil café

9h30 – Session Fonctionnement du sol

modérateurs : Isabelle Trinsoutrot-Gattin (Aghyle) et Jean-Bernard Cliquet (EVA)

[Conférence invitée \(Sabine Carpin, INRAE • page 26\) de 20 min + 10 min de questions](#)

[4 conférences de 10 min + 5 min de questions](#)

- Contrôle du recyclage du soufre dans le système sol-plante par une culture de moutarde intercalaire : Projet COSMIC (W. Riah • page 27)
- Toward a Soil Digital Twin from Multifunctionality Assessment at the plot scale (M. Hafsia • page 28)
- Vers une interprétation fonctionnelle des indicateurs organo-biologiques du sol : premiers résultats du projet CaSdar LienDuSol (M. Fontez • page 29)
- Vers des systèmes agricoles régénératifs : diagnostic multi-paramétrique des sols pour accompagner la transition agroécologique (Projet ARPEGE) (O. Ratsiatosika • page 30)

11h00 – Pause-café & Session d’Affiches

11h30 – Session Croissance et nutrition des plantes

modérateur : Marc Ropitiaux (GlycoMEV)

[4 conférences de 10 min + 5 min de questions](#)

- Silicate-solubilizing microorganisms as key players in plant silicon acquisition: a comparative study of maize and rapeseed rhizospheres (I. Ziati • page 32)
- Interactions Génotype x Fertilisations Azote & Soufre sur la qualité nutritionnelle des graines de colza (Yann Duault-Bekker • page 33)
- Adhésion du tube pollinique : le rôle clef des pectines (J. Cremer • page 34)
- Cellules à croissance polarisée et ultrastructures : vers la compréhension de la biosynthèse de la paroi cellulaire végétale (M. Ropitiaux • page 35)

12h30 – Repas – buffet

14h00 – Session Bioproduction à visée thérapeutique et valorisation de la biomasse

modératrice : Nesrine Gargouch (GlycoMEV)

[5 conférences de 10 min + 5 min de questions](#)

- Functional characterization of the alpha glucosidase II in *Chlamydomonas reinhardtii*, a key glycosylhydrolase involved in the quality control of N-glycoproteins (N. Mati-Baouche • page 37)
- Evolution of microbial communities and Plant Growth Promoting (PGP) functionalities in a continuous flow vermicomposting system (A. Chevalier • page 38)



- Développement de matériaux polymériques à base de cellulose imprimés en 3D pour des applications d'isolation électrique (M. Lecoublet ● page 39)
- Valorization of Brewer's Spent Grain as a Lignocellulosic Filler for Sustainable PBS-Based Biocomposites: Influence of Pretreatments on Moisture Sensitivity and Interfacial Interactions (J. Bellon ● page 40)
- Influence du lavage sur les propriétés physicochimiques et la durabilité du roseau destiné aux toitures en chaume (D. Ndahirwa ● page 41)

15h45 – Clôture des journées, synthèse des échanges et remise des prix Affiches & Présentations

16h30 – Pot de l'amitié

6^{èmes} Journées
scientifiques



de la SFR NORVEGE FED 4277
et de l'entente franco-québécoise NOR-SÈVE

Jour 1 • Mardi 9 juin 2026

**RÉSUMÉS
des
COMMUNICATIONS ORALES**

**SESSION
PROTECTION & SANTÉ DES PLANTES**

Des pesticides aux photosensibilisateurs non-toxiques à prix compétitifs

Pierre D. Harvey^{a,b}, Seyed Mehrzad Sajjad Nezhad^{a,b}, Maria Roccio Gonzalez-Lamothe^b,
Peter Moffett^b, Kamal Bouarabb

^a Département de chimie, Faculté des Sciences, Université de Sherbrooke, Sherbrooke J1K 2R1, QC, Canada.

^b Centre SÈVE, Département de biologie, Faculté des Sciences, U. de Sherbrooke, Sherbrooke J1K 2R1, QC, Canada.

Résumé (Abstract):

La plupart des porphyrines ioniques sont non-cytotoxiques et photosensibilisent l'oxygène singulet, $^1\text{O}_2$, efficacement, un agent oxydant fort et non-sélectif dont plusieurs ont montré leur valeur dans la photothérapie dynamique, PDT, pour guérir certains cancers. Leur capacité à générer un agent oxydant qui agit comme puissant antimicrobien, nous a permis d'exploiter leur potentiel comme photo-pesticides en agriculture. Trois phytopathogènes qui font parties des agresseurs les plus dévastateurs des cultures agricoles ont été étudiés dans ce projet. *Botrytis cinerea*, un agent causal de la pourriture grise sur plus de 1400 espèces dont plusieurs sont d'intérêt agronomique. *Pseudomonas syringae pv tomato*, un agent responsable de la tache bactérienne, une maladie qui provoque de graves pertes de récolte chez la tomate et d'autres plantes à travers le monde. En fin, *Erwinia amylovora*, l'agent responsable du feu bactérien, une maladie destructive qui affecte les pommiers, les poiriers et d'autres rosacées. Des expériences *in vitro* et *in vivo* dans des chambres de croissance et une serre (*B. cinerea*) ont été effectuées pour évaluer l'impact de ces molécules sur le contrôle de ces trois pathogènes. Nos résultats montrent clairement un antimicrobien puissant sur les trois pathogènes et un contrôle significatif de la pourriture grise sur des plants de tomate, des tomates et des pommes et de la tâche bactérienne sur des plants de tomate. L'effet antifongique a été observé sur des souches de *B. cinerea* sensibles et celles qui sont résistantes aux fongicides conventionnels. Le coût d'application d'une porphyrine illuminée est comparable à celui des fongicides pour un taux d'efficacité antifongique comparable. Le mécanisme photodynamique de ces porphyrines passe inévitablement en un attachement de ces dernières sur la paroi des cellules ou des spores pour minimiser la distance entre l' $^1\text{O}_2$ photo-produite et les parois tel que démontré par fluorescence sous microscope. Nos résultats montrent clairement le potentiel de ces molécules à combattre des pathogènes dévastateurs des cultures agricoles. Ceci nous ouvre une opportunité unique à évaluer leur potentiel à grand échelle.

Remerciements (Acknowledgements):

Fonds de recherche du Québec : Nature et Technologie (FRQNT)

From *in vitro* to greenhouse: Validating a Plant Extract Biocontrol against *Phytophthora infestans*

Valentin PENAUD^{1,2,3}, Abdelrahman ALAHMAD¹, Mout DE VRIEZE^{4,5}, Mathilde BOUTEILLER¹, Miléna EUDE¹, Aude BERNARDON-MERY^{2,3}, Isabelle GATTIN¹, Karine LAVAL¹, **Adrien GAUTHIER¹**

¹ UniLaSalle, SFR Normandie Végétal, Unité de recherche AGHYLE.

² Biom InnoV, Saint-Malo.

³ Gaïago SAS, Saint-Malo.

⁴ University of Fribourg, Department of Biology.

⁵ Agroscope, Plant Production Systems.

Résumé (Abstract):

Late blight, caused by *Phytophthora infestans*, is one of the most destructive diseases of tomato and potato. Growing restrictions on synthetic fungicides and the rise of resistant strains highlight the need for sustainable alternatives. Plant extract-based biocontrol products are promising, but their modes of action and non-target effects remain poorly characterized.

We combined *in vitro* and *in planta* approaches to evaluate a biocontrol product developed by Biom InnoV, comparing a plant extract (PE) and its optimized formulated version (FV) against different stages of the *P. infestans* lifecycle and for tomato protection. *In vitro* assays showed that FV completely inhibited mycelial growth at low concentrations (0.01–0.05%), while the concentrated plant extract (CPE) was less effective. Sporangia and zoospores were more sensitive than mycelia, with FV consistently showing the strongest inhibition. At sub-inhibitory concentrations, abnormal zoospore germination phenotypes were observed, indicating sublethal effects on the infection process. Non-target assays on four fungi and two bacteria revealed inhibition only at concentrations well above those effective against *P. infestans*, suggesting selective oomycete activity.

Greenhouse and growth chamber experiments confirmed FV's preventive efficacy in tomato, with protection observed from 2 hours up to 8 days post-treatment. FV transiently modulated defense-related gene expression (*PR2*, *PR5*, *POX*, *ACCO*), peaking at 6 hours, though no priming effect was detected after pathogen inoculation. The absence of protection on newly formed leaves and reduced efficacy after leaf washing indicate a predominantly contact-dependent mode of action.

Overall, this biocontrol product demonstrated strong, selective activity against *P. infestans*, transient host defense elicitation, and limited non-target effects, supporting its integration into late blight management strategies.

Remerciements (Acknowledgements):

The authors would like to thank the AGHYLE research unit and the AGROBIOTECH platform, including the Root Phenotyping Technologies (European Union and Région Normandie), for their valuable help and support.

Références (References):

[1] Penaud V., Alahmad A., De Vrieze M., Bouteiller M., Eude M., Bernardon-Mery A., Trinsoutrot-Gattin I., Laval K. and Gauthier A. (2025). « *In vitro* biocontrol potential of plant extract-based formulation against infection structures of *Phytophthora infestans* along with lower non-target effects », *Front. Microbiol.* 16:1569281. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2025.1569281>

[2] Penaud V., Alahmad A.; Bernardon-Mery A.; Laval K.; Gauthier A. (2026). « A plant-based biocontrol product confers protection against *Phytophthora infestans* and triggers tomato defense responses », *Environ. Exp. Bot.* 2026, 245. <https://doi.org/10.1016/j.envexpbot.2026.106355>.

VERAGROW, des biosolutions au service de la transition agroécologique

Maxime Gotté¹, Tom Belfort¹, Chloé Leroyer¹, Amandine Chevalier^{1,2}, Alexandre Bocage¹,
Théo Saint-Martin¹

¹Veragrow, Parc des hauts-Prés, 1 voie des Vendaises, 27100 Val-de-Reuil.

²UniLaSalle, 3 rue du Tronquet, 76130 Mont-Saint-Aignan.

Résumé (Abstract):

Dans le contexte de la transition agroécologique, la startup Normande Veragrow a choisi d'apporter sa contribution en développant des biostimulants innovants qui s'appuient sur les propriétés exceptionnelles du lombricompost.

Cet amendement naturel est issu de la décomposition de biodéchets par l'action conjointe des vers de terre et de leur microbiote intestinal. La matière obtenue est particulièrement riche en acides humiques et fulviques¹ largement reconnus pour leur propriétés biostimulantes, ainsi qu'en phytohormones (auxines, gibbérellines, cytokinines)² et en microorganisme promoteurs de la croissance des plantes PGPM^{1,2} (*Bacillus subtilis*, *Pseudomonas fluorescens*, *Azotobacter sp.*, *Rhizobium sp.*). Cependant, son utilisation directe en agriculture est limitée par des contraintes logistiques et économiques (10 t/ha nécessaires). Pour surmonter ces obstacles Veragrow a développé des biostimulants à base de lombricompost qui en concentrent les vertus dans un format liquide adapté aux pratiques agricoles actuelles.

Les résultats montrent des rendements optimisés (jusqu'à +25 % sur pomme de terre en plein champ), un enracinement plus profond et une meilleure efficacité de la fertilisation, même en contexte de réduction des intrants azotés.

Aujourd'hui, Veragrow déploie des projets de recherche visant à élucider les mécanismes biologiques sous-jacents et à analyser les modifications métaboliques induites par ces traitements. Ces travaux permettront d'affiner les protocoles d'application et d'étendre les bénéfices des biostimulants à de nouvelles cultures, en collaboration avec des partenaires académiques et industriels.

Remerciements (Acknowledgements):

Une part des travaux de recherches mentionnés a bénéficié du soutien financier du FEADER et de la Région Normandie dans le cadre du projet Ver'Repair.

Les activités de recherche de Veragrow sont effectuées au sein du laboratoire Aghyle (UniLaSalle) et de la plateforme IBiSA AgroBioTech.

Références (References):

[1] Wong W. S., Zhong H.-T., Cross A., Yong J. (2020). « Plant Biostimulants in Vermicomposts: Characteristics and Plausible Mechanisms ». In *Vermicomposting for Sustainable Agriculture*, pp. 155–180.

[2] Blouin M., Hodson M. E., Delgado E. A., Baker G., Brussaard L., Butt K. R., Dai J., Dendooven L., Peres G., Tondoh J. E., Cluzeau D., Brun J.-J. (2019). « Vermicompost significantly affects plant growth. A meta-analysis ». *Agronomy for Sustainable Development*, vol. 39, n° 1, p. 34. doi: 10.1007/s13593-019-0579-x

Présentation des activités du Centre Mondial de l'Innovation ROULLIER

par **Éric NGUÉMA-ONA**

Résumé (Abstract):

Éric Nguéma-Ona est un biologiste végétal de formation, et par passion (Docteur en biologie de la cellule végétale de l'Université de Rouen obtenu en 2007).

Au sein du Centre Mondial de l'Innovation Roullier à Saint Malo en France, il développe des solutions innovantes pour une agriculture durable, en alliant le savoir-faire industriel de TIMAC AGRO, et les sciences agronomiques et biologiques avec les meilleurs experts du monde académique, en France (INRAe, CNRS, CEA, Université de Rouen) et dans le Monde (Sansbury Laboratory et University of East Anglia – UK ; Université de Zurich, Suisse ; Université de Floride, USA ; University of Cape Town, Afrique du Sud ; Université de Saitama, Japon).

Il a publié et co-publié durant les 20 dernières années une 50+ de travaux de recherche dans des revues spécialisées à comité de lecture (peer review), en biologie végétale, phytopathologie, interactions plantes-microorganismes, phytochimie, phycologie.

Il maintient également une activité d'évaluateur de projet de publications. Les missions qu'il assume au sein de du Centre Mondial de l'Innovation Roullier, l'immerge de plus en plus dans la prise en compte des enjeux politiques et géopolitiques liés à l'agriculture, en France et dans le Monde.

Éric se propose de partager sa vision de la part de la science dans les défis qui se posent à nous, dans cette période d'impact de plus en plus visible du dérèglement climatique, mais aussi de la transition vers une agriculture durable.

Modulation du microbiome foliaire par un biostimulant et impact sur la croissance précoce du maïs

Mathilde Bouteiller¹, Abdelrahman Alahmad¹, Samuel Marquet², Francis Bucaille^{2,3},
Isabelle Trinsoutrot-Gattin¹, Karine Laval¹

¹ UniLaSalle, SFR NORVEGE FED 4277, AGHYLE Rouen UP 2018.C101, 3 Rue du Tronquet, 76130 Mont-Saint-Aignan, France.

² Gaïago SAS, 12 Rue des Petits Bois, 35400 Saint Malo, France.

³ Agribooster SAS, 8 rue Jeanne d'Arc 58000 Nevers, France.

Résumé (Abstract):

Pour répondre aux objectifs européens et nationaux de réduction des intrants chimiques (Green Deal, Ecophyto II+), le développement de stratégies agroécologiques innovantes est devenu indispensable pour maintenir des systèmes de culture productifs et résilients et augmenter les rendements de culture. Parmi les solutions à l'étude, les biostimulants représentent des alternatives prometteuses [1]. Mieux comprendre leur mode d'action est alors essentiel pour optimiser leur efficacité. Dans ce sens, la considération du microbiote de la plante (= phytomicrobiote) est cruciale puisqu'il est directement en contact avec le biostimulant et constitue une source importante de microorganismes pouvant jouer des rôles essentiels pour la plante [2,3]. Si de nombreuses études se sont déjà intéressées à l'influence de biostimulant sur les compartiments microbiens du sol et des racines [4,5], la phyllosphère, communauté de micro-organismes vivant à la surface des feuilles, tiges, fleurs et fruit [6], reste encore peu explorée. Dans cette étude, nous avons évalué les effets du biostimulant foliaire Stimulus® sur le maïs, mais également sur les communautés microbiennes phyllosphériques. En parallèle, des tests *in vitro* ont été menés sur des micro-organismes isolés de la phyllosphère du maïs et des organismes pathogènes bien caractérisés. Les premiers résultats *in planta* montrent que l'application de Stimulus® a un impact positif sur la croissance du maïs et qu'il serait capable d'influencer la croissance de souches fongiques de la phyllosphère exceptés pour les microorganismes phytopathogènes. D'autres tests sont nécessaires pour évaluer l'impact de Stimulus® sur un panel plus large de microorganismes et voir l'effet sur les fonctions microbiennes *in planta*.

Remerciements (Acknowledgements):

L'ensemble des recherches ont été conduites sur la plateforme IBiSA Agrobiotech.

Références (References):

- [1] Bhupenchandra, I. et al. Role of biostimulants in mitigating the effects of climate change on crop performance. *Front. Plant Sci.* 13, 967665 (2022).
- [2] Gupta, R., Anand, G., Gaur, R. & Yadav, D. Plant–microbiome interactions for sustainable agriculture: a review. *Physiol Mol Biol Plants* 27, 165–179 (2021).
- [3] Bhatt, P. et al. Understanding Phytomicrobiome: A Potential Reservoir for Better Crop Management. *Sustainability* 12, 5446 (2020).
- [4] Alahmad, A. et al. Prebiotics: A Solution for Improving Plant Growth, Soil Health, and Carbon Sequestration? *Journal of Soil Sci Plant Nutr* 23, 6647–6669 (2023).
- [5] Alahmad, A. et al. Unveiling the Impact of Soil Prebiotics on Rhizospheric Microbial Functionality in *Zea mays* L. *Agriculture* 14, 1115 (2024).
- [6] Bringel, F. & Couée, I. Pivotal roles of phyllosphere microorganisms at the interface between plant functioning and atmospheric trace gas dynamics. *Front. Microbiol.* 06, (2015).

Amélioration de la résilience du maïs à la sécheresse par un prébiotique du sol modulant les interactions plante-microbiote

Lucas EDELMAN^{1,2}, Babacar THIOYE¹, Lisa CASTEL¹, Samuel MARQUET², Francis BUCAILLE^{2,3},
Karine LAVAL¹, Isabelle TRINSOUTROT-GATTIN¹, Abdelrahman ALAHMAD¹

¹ UniLaSalle, SFR NORVEGE FED 4277, AGHYLE Rouen UP 2018.C101, 3 Rue du Tronquet, 76130 Mont-Saint-Aignan, France.

² Gaïago SAS, 12 Rue des Petits Bois, 35400 Saint Malo, France.

³ Agribooster SAS, 8 rue Jeanne d'Arc 58000 Nevers, France.

Résumé (Abstract):

Le stress hydrique constitue une contrainte majeure pour la productivité du maïs (*Zea mays* L.). La stimulation des interactions sol-plante-microorganismes via des amendements prébiotiques représente une stratégie durable pour atténuer ce stress. Cette étude évalue l'impact d'un prébiotique appliqué au sol (NUTRIGEO L®) sur la croissance du maïs, l'activité biochimique du sol et les communautés microbiennes de la rhizosphère sous deux régimes hydriques contrastés (70 % et 30 % de la capacité de rétention en eau).

Une expérimentation en serre montre que le prébiotique améliore significativement les performances du maïs en conditions de sécheresse, avec une augmentation de 31,1 % de la biomasse racinaire sèche ainsi qu'une augmentation de la biomasse aérienne. Les activités enzymatiques du sol impliquées dans les cycles du carbone et de l'azote (α - et β -glucosidases, N-acétyl-glucosaminidase) sont stimulées et positivement corrélées à la biomasse racinaire, indiquant une activation de la fonctionnalité microbienne [1]. L'analyse Biolog EcoPlates™ révèle également un potentiel métabolique microbien plus élevé dans les sols traités [2].

Le métabarcoding (16S rRNA et ITS) met en évidence une modification de la structure des communautés microbiennes, avec une augmentation de l'équitabilité et de la β -diversité [3]. Le prébiotique favorise l'abondance de phylums bactériens adaptés au stress (Verrucomicrobiota, Cyanobacteria, Chloroflexota) ainsi que de champignons (Ascomycota), et de biomarqueurs tels que *Paraburkholderia*, *Massilia*, Anaerolineales, *Candida* et *Coprinus*, associés au cycle des nutriments et à la tolérance au stress.

Dans l'ensemble, le prébiotique améliore la résilience du maïs à la sécheresse via des mécanismes synergiques impliquant la plante et la rhizosphère, confirmant son potentiel comme levier agroécologique face au changement climatique.

Références (References):

[1] Alahmad, A., *et al.* (2024). "Unveiling the impact of soil prebiotics on rhizospheric microbial functionality in *Zea mays* L." *Agriculture*, **14**, 1115. <https://doi.org/10.3390/agriculture14071115>

[2] Edelman, L., *et al.* (2025). "Improving drought resilience in maize through a soil-applied prebiotic: effects on plant physiology and rhizosphere microbial function." *Plant Stress*, **18**, 101081. <https://doi.org/10.1016/j.stress.2025.101081>

[3] Bhatt, P. *et al.* Understanding Phytomicrobiome: A Potential Reservoir for Better Crop Management. *Sustainability* **12**, 5446 (2020). Alahmad, A., *et al.* (2023). "Prebiotics: A solution for improving plant growth, soil health, and carbon sequestration?" *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*, **23**, 6647–6669. <https://doi.org/10.1007/s42729-023-01517-8>

SESSION
INTERACTION PLANTES MICROORGANISMES

Les *Pseudomonas* spp. producteurs de phénazines, des alliés dans le biocontrôle de la gale commune de la pomme de terre

Martin Filion¹, Adrien Biessy¹, William Jordan¹, Megan Bennett¹, Anuradha Jayathissa¹

¹ Université McGill, Département de Phytologie, Ste-Anne-de-Bellevue, QC, CANADA.

Résumé (Abstract):

La gale commune de la pomme de terre, causée par *Streptomyces scabiei* (Ss) et d'autres espèces apparentées de *Streptomyces*, provoque des lésions liégeuses sur les tubercules et compromet la commercialisation des récoltes (1). En l'absence de méthodes de lutte efficaces, l'utilisation de bactéries *Pseudomonas* spp. phytobénéfiques semble prometteuse contre cette maladie, notamment grâce à leur production de dérivés phénaziques (2). Les phénazines sont des molécules hétérocycliques azotées, redox-actives, qui présentent des propriétés phytobénéfiques et une activité antimicrobienne à large spectre. La dynamique de population et l'activité des *Pseudomonas* spp. productrices de phénazines suite à leur inoculation dans la rhizosphère demeure mal caractérisée. Afin de combler cette lacune, nous avons étudié comment différents dérivés phénaziques produits par des *Pseudomonas* spp. phytobénéfiques influencent la compétence rhizosphérique, la formation de biofilm et le biocontrôle de la gale commune chez la pomme de terre. Des tests de confrontation in vitro ont tout d'abord confirmé que tous les dérivés phénaziques testés inhibent la croissance de Ss, et que l'activité antagoniste varie en fonction des différents dérivés. Des expériences en champ et en serre ont évalué la dynamique de population de 21 espèces de *Pseudomonas* productrices de différents composés phénaziques par des prélèvements répétés de sol de la rhizosphère et quantification moléculaire. Parallèlement, des analyses génomiques ont été réalisées afin d'étudier la capacité de ces souches à produire des protéines impliquées dans la chimiotaxie comme déterminants synergiques associés à une colonisation rhizosphérique plus robuste. Des tests complémentaires effectués avec des mutants d'une souche de *Pseudomonas* spp. incapables de produire différents dérivés phénaziques ont permis d'évaluer comment ces dérivés modifient la colonisation et le phénotype des biofilms. Les résultats obtenus mettent en évidence des différences marquées dans la persistance rhizosphérique, spécifique à chaque souche, et suggèrent que le type de dérivé phénazique produit influence à la fois la formation du biofilm, les interactions compétitives dans la rhizosphère et le biocontrôle de la gale commune. Ce travail contribuera au développement de stratégies fiables à base d'agents de biocontrôle microbiens pour la gestion de maladies telluriques affectant la pomme de terre, telle la gale commune.

Remerciements (Acknowledgements):

Nous voudrions remercier le Conseil de Recherches en Sciences Naturelles et en Génie du Canada (CRSNG) pour leur soutien financier.

Références (References):

- [1] Loria R., Kers J., Joshi M. (2006). Evolution of plant pathogenicity in *Streptomyces*. Annu. Rev. Phytopathol. 44: 469-487. <https://doi.org/10.1146/annurev.phyto.44.032905.091147>
- [2] Biessy A., Filion M. (2022). Biological control of potato common scab by plant-beneficial bacteria. Biol. Control 165: 104808. <https://doi.org/10.1016/j.biocontrol.2021.104808>

Effet des exsudats racinaires sur la formation de biofilm de deux bactéries favorisant la croissance des plantes

Baptiste BARBAULT¹, Eulalie FOURNEAU¹, Barbara PAWLAK¹, Josselin BODILIS¹

¹ Université de Rouen Normandie, GlycoMEV UR 4358, SFR Normandie Végétal FED 4277, Innovation Chimie Carnot, IRIB, GDR CNRS Chemobiologie F-76000 Rouen, France.

Résumé (Abstract):

Le microbiote rhizosphérique, *i.e.* les microorganismes vivant dans la fine zone de sol sous l'influence des racines, est composé de nombreuses PGPR (Plant Growth-Promoting Rhizobacteria) et joue un rôle clé pour la santé et le développement des plantes. En effet, ce microbiote peut stimuler la croissance des plantes et/ou les protéger contre les stress biotiques et abiotiques. Il a été montré que l'installation durable de ces microorganismes dans la rhizosphère est déterminée par les exsudats racinaires, mélange moléculaire complexe capable de moduler leur chimiotactisme, leur croissance et la formation de biofilms protecteurs [1], [2]. Ainsi, réussir à moduler le microbiote rhizosphérique au travers d'exsudats racinaires exogènes permettrait de réduire l'utilisation d'intrants chimiques, pour une agriculture plus durable.

Dans ce contexte, nous nous sommes intéressés plus particulièrement à la quantification des biofilms formés par deux PGPR, *Pseudomonas fluorescens* ATCC 17400 et *Bacillus subtilis* ATCC 6633, en réponse aux exsudats racinaires de pois (*Pisum sativum*).

L'étude est menée en microplaques, ce qui permet, après coloration au cristal violet, d'estimer de façon indirecte la quantité de bactéries sous forme de biofilm. Dans cet environnement expérimental, *P. fluorescens* colonise la paroi des puits tandis que *B. subtilis* forme un biofilm à l'interface air-liquide, appelé pellicule. Les résultats préliminaires montrent, de manière surprenante, que la formation de biofilm par *P. fluorescens* est inhibée en présence d'une solution concentrée d'exsudats racinaires de pois. Par contraste, la formation de biofilm par *B. subtilis* est stimulée avec une modification de la structure de la pellicule.

Les résultats ainsi observés semblent cohérents avec la diversité de comportements PGPR décrite pour nos souches. Nous testons aussi l'effet d'autres exsudats racinaires, comme ceux de colza, de raygrass ou de pois récoltés à un stade de maturité différent. Enfin, nous développons actuellement une technique de microfluidique afin d'étudier la formation de biofilm *in vivo*.

Remerciements (Acknowledgements):

Nous remercions la région Normandie pour le financement via le RIN émergent MIMIC et pour l'attribution de l'allocation doctorale AMiRhi.

Références (References):

- [1] Fourneau, E., Barbault, B., Pannier, M., Pawlak, B., Bodilis, J., 2026. When roots talk, bacteria respond: Comparative transcriptomics of three plant growth-promoting rhizobacteria growing on root exudates reveals plant-specific responses. *Rhizosphere* 37, 101293. <https://doi.org/10.1016/j.rhisph.2026.101293>
- [2] Srivastava, A.K., Singh, R.D., Pandey, G.K., Mukherjee, P.K., Foyer, C.H., 2025. Unravelling the Molecular Dialogue of Beneficial Microbe–Plant Interactions. *Plant Cell Environ* 48, 2534–2548. <https://doi.org/10.1111/pce.15245>

Enhancing quorum quenching-mediated biocontrol by *Rhodococcus erythropolis* R138 through exploitation of communication systems

Héloïse BIZIERE-MACO, Nathan JORDIER, Annabelle MERIEAU, Xavier LATOUR & Corinne BARBEY

Normandie Université, SFR Normandie Végétal, Université de Rouen, UR 4312 CBSA Communication Bactérienne et Stratégies Anti-infectieuses, 55, Rue Saint Germain 27000 Evreux (corinne.barbey@univ-rouen.fr)

Résumé (Abstract):

Bacteria communicate and interact with their environment by producing and detecting diffusible or volatile signal molecules. Diffusible signals mediate quorum sensing (QS) to monitor their population density or spatial confinement, and to synchronize the expression of genes involved in collective phenotypes, such as production of antimicrobials and host colonization [1]. Volatile organic compounds (VOCs) act as infochemicals in long distance communication as well as antimicrobials in competition [2]. A broad range of pathogenic microorganisms affects food, and vegetable crops, leading to substantial economic losses. The bacterium *Rhodococcus erythropolis* R138 is an established biocontrol agent that efficiently suppress blackleg and soft rot in potato crops under hydroponic and field cultivation systems [3]. This project aims to elucidate the molecular mechanisms underlying the production and perception of QS signals and VOCs by *R. erythropolis* R138 and their contribution to quorum quenching-mediated biocontrol.

Analysis of diffusible and volatile molecules by LC-MS and GC-MS revealed the production by R138 of signals belonging to γ -butyrolactones (GBLs) and various VOCs, respectively. GBLs are reported in the literature as QS signals produced and detected by the *Streptomyces* genus, to trigger secondary metabolism and morphological differentiation [1]. Concerning VOC emission, R138 produced mainly sulfur compounds and terpenes. A dedicated experimental system was established to evaluate the effects of VOCs emitted by R138 on phytopathogenic microorganisms. The results demonstrated that these VOCs exert a pronounced inhibitory activity on the growth of a range of fungal pathogens. Interestingly, VOC production appears to be regulated by the GBL-based QS system. This is supported by the observation that a R138 mutant lacking the gene required for GBL synthesis failed to produce VOCs capable of inhibiting pathogen growth. Thus, VOC emission can be modulated by supplying QS signals that trigger their biosynthesis. Overall, R138 exploits two different communication systems to mediate its quorum quenching-based biocontrol activities.

Références (References):

- [1] Barbey C, Latour, X. 2024. « Molecular mechanisms of bacterial communication and their biocontrol ». *Int. J. Mol. Sci.* 25, 5443-47.
- [2] Avalos M, van Wezel G, Raaijmakers J, Garbeva P. 2018. « Healthy scents: microbial volatiles as new frontier in antibiotic research? » *Curr. Opin. Microbiol.*,45:84-91.
- [3] Barbey C, Chane A, Burini JF, Maillot O, Merieau A, Gallique M, et al. 2018. « A Rhodococcal Transcriptional Regulatory Mechanism Detects the Common Lactone Ring of AHL Quorum-Sensing Signals and Triggers the Quorum-Quenching Response ». *Front. Microbiol.*, 9, 2800.

Etude d'une nouvelle toxine dans l'activité de biocontrôle du système de sécrétion de type 6 de *Pseudomonas fluorescens* MFE01

Nathan Jordier^{1,2}, Héroïse Bizière-Maco^{1,2}, Xavier Latour^{1,2}, Corinne Barbey^{1,2} et Annabelle Merieau^{1,2}

¹ Université de Rouen Normandie, Laboratoire de Microbiologie, Communication Bactérienne et Stratégies Anti-infectieuses LM-CBSA, UR 4312, Evreux, France.

² International Research Federation NOR-SEVE, University of Sherbrooke, Sherbrooke, Québec, Canada.

Résumé (Abstract):

Le système de sécrétion de type 6 (SST6) est une nanomachine bactérienne contractile présente chez de nombreuses bactéries didermes [1]. Ce SST6 permet d'injecter des effecteurs dans une cellule par contact ou de les sécréter directement dans le milieu extracellulaire. Le SST6 peut être impliqué dans diverses fonctions dont la captation du fer, la formation de biofilm, la motilité [2]. Le SST6 est aussi un mécanisme de compétition entre bactéries via la sécrétion de toxines antibactériennes. Ces toxines ciblent différents constituants cellulaires comme la paroi, la membrane, les acides nucléiques, les ribosomes... La perturbation de ces structures provoque un arrêt de la croissance bactérienne et/ou la lyse cellulaire. Le SST6 est un outil d'occupation d'une niche écologique au détriment des bactéries compétitrices et aussi un mécanisme d'adaptation des populations microbiennes. Les gènes codants ces toxines antibactériennes sont souvent localisés dans des clusters de gènes structuraux du SST6. Ils sont généralement adjacents à un gène codant une protéine d'immunité dont l'expression protège la bactérie productrice contre les effets de la toxine [3].

Dans le contexte du biocontrôle, la souche *Pseudomonas fluorescens* MFE01, apparaît comme un organisme d'intérêt. MFE01 exerce une forte activité antimicrobienne sur des pathogènes humains comme *L. pneumophila*, *P. aeruginosa* ou *E. coli* et sur des phytopathogènes comme *P. astrosepticum*, l'agent de la pourriture molle de la pomme de terre et l'oomycète *Phytophthora infestans*, un agent du mildiou. L'activité de biocontrôle avérée de MFE01 repose sur l'émission de molécules volatiles et de toxines sécrétées par un SST6 hyperactif [4,5,6]. Une analyse du génome de MFE01 a révélé un total de 19 gènes codants des toxines putatives dont un est situé dans le cluster des gènes structuraux du SST6. La protéine codée par ce gène, de fonction inconnue à ce jour, a été nommée Coretox et est prédite pour être présente chez d'autres organismes ayant des SST6 fonctionnels. Pour étudier le rôle de la protéine Coretox chez MFE01, nous avons construit des mutants de délétion du gène *coretox* dont un chez une souche qui exprime la protéine fluorescente GFP couplée au fourreau contractile du SST6. L'observation de ce mutant en microscopie confocale a révélé que la délétion du gène *coretox* impacte le nombre de fourreau du SST6 ainsi que sa dynamique de contraction. De plus, des tests de compétition bactérienne montrent que la protéine Coretox joue un rôle important dans l'activité antibactérienne de MFE01 envers *P. astrosepticum*. D'autres analyses sont en cours pour caractériser la fonction de cette protéine.

Remerciements (Acknowledgements):

Merci au Dr Hung Lee du laboratoire CBSA (Evreux) pour sa collaboration en microscopie confocale et la Région Normandie pour le financement d'une bourse de doctorat.

Références (References):

- [1] Cherrak Y., Flaugnatti N., Durand E., Journet L., Cascales E. (2019). « Structure and Activity of the Type VI Secretion System », *Microbiology Spectrum*, vol. 7, n° 4, PSIB-0031-2019. <https://doi.org/10.1128/microbiolspec.PSIB-0031-2019>
- [2] Gallique M., Bouteiller M., Merieau A. (2017). « The Type VI Secretion System: A Dynamic System for Bacterial Communication? », *Frontiers in Microbiology*, vol. 8, article 1454. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.01454>
- [3] Hernandez R. E., Gallegos-Monterrosa R., Coulthurst S. J. (2020). « Type VI secretion system effector proteins: Effective weapons for bacterial competitiveness », *Cellular Microbiology*, vol. 22, n° 9, e13241. <https://doi.org/10.1111/cmi.13241>
- [4] Decoin V., Barbey C., Bergeau D., Latour X., Feuilloley M. G., Orange N., Merieau A. (2014). « A type VI secretion system is involved in *Pseudomonas fluorescens* bacterial competition », *PLOS ONE*, vol. 9, n° 2, e89411. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0089411>
- [5] Bourigault Y., Dupont C. A., Desjardins J. B., Doan T., Bouteiller M., Le Guenno H., Chevalier S., Barbey C., Latour X., Cascales E., Merieau A. (2023). « *Pseudomonas fluorescens* MFE01 delivers a putative type VI secretion amidase that confers biocontrol against the soft-rot pathogen *Pectobacterium atrosepticum* », *Environmental Microbiology*, vol. 25, n° 11, p. 2564–2579. <https://doi.org/10.1111/1462-2920.16492>
- [6] Dupont C. A., Bourigault Y., Bizière-Maco H., Boukerb A. M., Latour X., Barbey C., Verdon J., Merieau A. (2025). « The GacS/GacA two-component system strongly regulates antimicrobial competition mechanisms of *Pseudomonas fluorescens* MFE01 strain », *Journal of Bacteriology*, vol. 207, n° 2, e00388-24. <https://doi.org/10.1128/jb.00388-24>

Pilotage fonctionnel des microbiotes dans les trajectoires agroécologiques

Mélanie Bressan¹, Wassila Riah¹, Karine Laval¹ & Isabelle Trinsoutrot-Gattin¹

¹ UniLaSalle, Campus Rouen - Unité de recherche AGHYLE UP 2018 C.101- SFR Normandie Végétal FED4277, 3 rue du Tronquet, 76130 Mont Saint Aignan, France.

Résumé (Abstract):

Les microbiotes associés aux plantes jouent un rôle central dans les processus de nutrition minérale, de tolérance aux stress et de santé des cultures [1]. Dans un contexte de transition agroécologique, de nombreuses stratégies reposent aujourd'hui sur le déploiement de biosolutions dans le but de mobiliser des processus biologiques naturels. Toutefois, les réponses observées en conditions de terrain demeurent variables. La compréhension des modes d'action sous-jacents apparaît dès lors essentielle pour accompagner et sécuriser ces transitions.

Les travaux présentés, menés sur différentes cultures, ont permis d'explorer l'impact de produits de biostimulation sur le fonctionnement biologique de la rhizosphère. L'approche repose sur l'étude conjointe de l'abondance et de la diversité des communautés microbiennes, la mesure d'activités enzymatiques impliquées dans les cycles biogéochimiques, ainsi que l'évaluation de la mise en place des symbioses rhizobiennes et mycorhiziennes. Les résultats obtenus montrent que les produits de biostimulation étudiés conduisent à une variation des niveaux d'activités enzymatiques, traduisant une réorientation des fonctions microbiennes, sans modification systématique de la biomasse ou de la diversité microbienne globale. Une modulation fine de certaines populations microbiennes associées à des fonctions bénéfiques est également observée, ainsi que parfois des ajustements dans l'intensité et la nature des interactions de type symbiotique. Les réponses observées apparaissent par ailleurs comme dépendant du contexte pédoclimatique et du stade de développement des plantes.

L'ensemble de ces éléments met en exergue l'importance de dépasser une approche strictement descriptive des communautés microbiennes pour s'intéresser à leur fonctionnalité. Ils s'inscrivent dans une vision de type holobionte, dans laquelle la performance des cultures résulte de l'expression conjointe de fonctions microbiennes et d'interactions plante-microorganismes [2]. L'identification et le suivi d'indicateurs biologiques ciblant ces fonctions apparaissent ainsi comme des outils pertinents pour mieux caractériser les modes d'action des biosolutions et raisonner leur intégration dans les agrosystèmes.

Remerciements (Acknowledgements):

Les auteurs remercient les multiples financeurs ayant contribué à ces travaux : la Région Normandie, BPI France et l'Agence National de Recherche ; ainsi que les partenaires des différents projets. Les analyses ont été réalisés au sein de la plateforme IBiSA AgroBioTech.

Références (References):

[1] Trivedi P., Leach J. E., Tringe S. G., Sa T., & Singh B. K. (2020). Plant -microbiome interactions: from community assembly to plant health. *Nature Reviews Microbiology*, 18, 607–621. <https://doi.org/10.1038/s41579-020-0412-1>

[2] Vandenkoornhuysen P., Quaiser A., Duhamel M., Le Van A., & Dufresne A. (2015). The importance of the microbiome of the plant holobiont. *New Phytologist*, vol. 206, p. 1196–1206. <https://doi.org/10.1111/nph.13312>

Decoding the first dialogue between plants and oomycetes: Spatiotemporal dynamics of early infection

Joëlle LE BERRE¹, Naïma MINET¹, Philippe THOMEN², Céline COHEN², Xavier NOBLIN², Éric GALIANA¹,
and Agnès ATTARD¹

¹ INRAE, CNRS, Université Côte d'Azur, UMR-ISA, Laboratoire Interaction plantes-oomycètes, Sophia Antipolis, France.

² CNRS UMR 7010, Université Côte d'Azur, UMR-INPHYNI, Nice, France.

Résumé (Abstract):

In the soil, rhizodeposits play a key role in the molecular dialogue between roots and microorganisms, thereby influencing plant growth and health. However, their function, nature, and mode of action are still poorly understood. Oomycete plant pathogens have evolved a wide range of strategies to infect host tissues. Among these, the ability to detect host-derived signals is crucial for initiating infection. Yet, the molecular mechanisms underlying pathogen attraction to the host prior to penetration remain poorly understood [1]. To identify the plant signals and cellular functions involved in this early stage of infection, we conducted a multidisciplinary study to investigate the rhizospheric interaction between the soil-borne oomycete *Phytophthora parasitica* and the model plant *Arabidopsis thaliana* [2]. Based on this interaction, we developed new tools dedicated to microscale spatiotemporal phenotyping, enabling the imaging of zoospore behavior during swimming under conditions that mimic the rhizosphere [3,4,5]. We demonstrated that the zoospore attraction to the root surface consists of four short and defined stages within the first minutes after inoculation, and that zoospore motility is guided by root-derived exudates in the rhizosphere. These insights advance our understanding of early infection dynamics at fine spatiotemporal scales (micrometers, milliseconds), and open new opportunity to investigate plant-oomycete signaling processes at previously inaccessible scales.

Références (References):

- [1] Bassani I, Larousse M, Tran QD, Attard A, Galiana E. (2020). *Phytophthora* zoospores: From perception of environmental signals to inoculum formation on the host-root surface Computational and Structural Biotechnology Journal 18:3766–3773. <https://doi.org/10.1016/j.csbj.2020.10.045>
- [2] Le Berre JY, Gourgues M, Samans B, Keller H, Panabières F, Attard A. (2017). Transcriptome dynamic of *Arabidopsis* roots infected with *Phytophthora parasitica* identifies VQ29, a gene induced during the penetration and involved in the restriction of infection. PLoS One. Dec 27;12(12):e0190341. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0190341>
- [3] Galiana E, Cohen C, Thomen P, Etienne C, Noblin X. (2019). Guidance of zoospores by potassium gradient sensing mediates aggregation. J R Soc Interface. <https://doi.org/10.1098/rsif.2019.0367>
- [4] Lupatelli CA, Attard A, Kuhn ML, Cohen C, Thomen P, Noblin X, Galiana E. (2023). Automated high-content image-based characterization of microorganism behavioral diversity and distribution. Comput Struct Biotechnol J 21:5640-5649. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.csbj.2023.10.055>
- [5] Cohen C, Gauci FX, Noblin X, Galiana E, Attard A, Thomen P. (2025). Kinetics of zoospores approaching a root using a microfluidic device. Physical Review E 111, 024411. DOI: <https://doi.org/10.1103/PhysRevE.111.024411>

Développement d'une technique innovante de microfluidique pour étudier l'assemblage précoce du microbiote rhizosphérique

Eulalie Fourneau¹, Baptiste Barbault¹, Yohan Lerendu², Nicolas Elie², Didier Goux², Barbara Pawlak¹ & Josselin Bodilis¹

¹ Université de Rouen Normandie, GlycoMEV UR 4358, SFR Normandie Végétal FED 4277, Innovation Chimie Carnot, IRIB, GDR CNRS Chemobiologie F-76000 Rouen, France.

² Univ Caen Normandie, US EMerode, CMAbio3, SF 4206 ICORE, Caen, France

Résumé (Abstract):

Les racines des plantes libèrent des rhizodépôts et définissent ainsi la zone de sol sous leur influence : la rhizosphère. Parmi ces rhizodépôts, les exsudats racinaires constituent un cocktail moléculaire riche et complexe largement impliqué dans l'assemblage du microbiote rhizosphérique, qui joue un rôle clé dans la croissance et la santé de la plante [1]. Dans le cadre de l'agroécologie, décrypter le dialogue moléculaire entre les racines et leur microbiote permettrait de favoriser l'installation de microorganismes bénéfiques comme les PGPR (*plant growth-promoting rhizobacteria*) dans la rhizosphère [2].

Lors de précédents travaux, nous avons mis en évidence des réponses physiologiques et génétiques spécifiques de PGPR aux exsudats racinaires issus de différentes plantes [3, 4]. Afin d'étudier l'effet de ces exsudats *in vivo*, un dispositif microfluidique a été développé pour suivre en temps réel les interactions directes ou indirectes de *Bacillus subtilis* ATCC 6633 avec les racines d'*Arabidopsis thaliana* en présence ou non d'exsudats racinaires d'autres plantes.

Lors des premières minutes suivant le contact entre bactéries et racines dans la puce microfluidique, des vidéos sont enregistrées pour mettre en évidence, voire quantifier le chimiotactisme bactérien (mesure des vitesses et caractérisation des trajectoires). Après deux jours, un marquage avec une sonde fluorescente (WGA Alexa Fluor 488) permet de visualiser et caractériser le biofilm de *B. subtilis* sur les racines. Les premières observations au microscope inversé montrent la mobilité et la croissance de *B. subtilis*, puis la formation de biofilm le long des racines d'*A. thaliana*. Ces comportements bactériens seront évalués et comparés en ajoutant des exsudats racinaires issus de différentes plantes dans le but d'identifier les plus efficaces pour stimuler l'installation des PGPR.

Remerciements (Acknowledgements):

Nous remercions la région Normandie pour le financement du projet RIN émergent MIMIC.

Références (References):

- [1] Shafi, Z., & Shahid, M. (2025). Root exudates as molecular architects shaping the rhizobacterial community: A review. *Rhizosphere*, 101212.
- [2] Ehinmitan, E., Losenge, T., Mamati, E., Ngumi, V., Juma, P., & Siamalube, B. (2024). BioSolutions for green agriculture: unveiling the diverse roles of plant growth-promoting rhizobacteria. *International Journal of Microbiology*, 2024(1), 6181491.
- [3] Fourneau, E., Barbault, B., Pannier, M., Pawlak, B., & Bodilis, J. (2026). When roots talk, bacteria respond: Comparative transcriptomics of three plant growth-promoting rhizobacteria growing on root exudates reveals plant-specific responses. *Rhizosphere*, 101293.
- [4] Fourneau, E., Pannier, M., Riah, W., Personeni, E., Morvan-Bertrand, A., Bodilis, J., & Pawlak, B. (2024). A "love match" score to compare root exudate attraction and feeding of the plant growth-promoting rhizobacteria *Bacillus subtilis*, *Pseudomonas fluorescens*, and *Azospirillum brasilense*. *Frontiers in Microbiology*, 15, 1473099.

Remodelage des arabinogalactanes protéines racinaires du pois (*Pisum sativum*) et de la féverole (*Vicia faba*) lors des étapes précoces de l'infection par *Aphanomyces euteiches*

Vincent Lemaître^{1,2}, Mariane Chedid¹, Mélanie Fortier^{1,3}, Thomas Badou¹, Olivier Perruchon¹, Marie-Christine Kiefer-Meyer¹, Azeddine Driouich¹, Maïté Viché¹ & Marie-Laure Follet¹

¹ Université de Rouen Normandie, GlycoMEV UR 4358, SFR Normandie Végétal FED 4277, Innovation Chimie Carnot, IRIB, GDR CNRS Chemobiologie F-76000 Rouen, France.

² Université de Rouen Normandie, Inserm, CNRS, Normandie Univ, HeRaLeS US 51 UAR 2026, PRIMACEN, France.

³ RAGT 2n, Centre de recherche de Druelle, F-12510 Druelle Balsac, France.

Résumé (Abstract):

Les plantes de la famille des Fabacées présentent un fort potentiel agronomique. Le pois (*Pisum sativum*), par exemple, a la capacité de fixer l'azote atmosphérique contribuant à la fertilisation des sols, tout en constituant une source de protéines pour l'alimentation humaine et animale. Cependant, ses rendements sont menacés par la pourriture racinaire, maladie causée par l'oomycète *Aphanomyces euteiches*, contre laquelle aucune méthode de lutte n'est actuellement disponible [1]. À l'inverse, la féverole (*Vicia faba*), autre espèce de la famille des Fabacées, présente une résistance constitutive à cette maladie et a été utilisée comme témoin dans notre étude [2]. Des travaux antérieurs ont révélé que le système racinaire déclenche des mécanismes de défense contre *A. euteiches*, notamment par la sécrétion de protéoglycane de la paroi cellulaire, comme les arabinogalactanes protéines (AGP), capables d'influencer directement le développement de l'oomycète [3, 4]. Notre étude vise à mieux comprendre le rôle des glycanes pariétaux du pois durant les premières phases de l'infection par *A. euteiches*. Pour cela, les glycanes d'intérêt ont été ciblés par microscopie, puis les observations ont été complétées par des analyses biochimiques et transcriptomiques. Nos résultats révèlent des modifications de la glycosylation des AGP chez deux génotypes de pois, ces variations semblant liées à leur sensibilité contrastée à la pourriture racinaire. Par ailleurs, le génotype résistant de féverole présente un remodelage spécifique de ces composés. Ainsi, ces résultats suggèrent que les AGP pourraient jouer un rôle clé dans la sensibilité des Fabacées à la pourriture racinaire et constituer des cibles potentielles pour le développement de variétés plus tolérantes.

Remerciements (Acknowledgements):

Marie-Laure Pilet-Nayel et Angélique Lesné de l'IGEPP (Institut de Génétique pour l'Environnement et la Protection des Plantes, INRAE, Le Rheu). Florian Barthès de RAGT 2n (Louville-la-Chenard).

Références (References):

- [1] Gaulin, E., Jacquet, C., Bottin, A., & Dumas, B. (2007). « Root rot disease of legumes caused by *Aphanomyces euteiches* ». *Molecular Plant Pathology*, 8(5), 539-548.
- [2] Moussart, A., Even, M. N., & Tivoli, B. (2008). « Reaction of genotypes from several species of grain and forage legumes to infection with a French pea isolate of the oomycete *Aphanomyces euteiches* ». *European Journal of Plant Pathology*, 122(3), 321-333.
- [3] Cannesan, M. A., Durand, C., Burel, C., Gangneux, C., Lerouge, P., Ishii, T., Laval, K., Follet, M-L., Driouich, A. & Viché-Gibouin, M. (2012). « Effect of arabinogalactan proteins from the root caps of pea and *Brassica napus* on *Aphanomyces euteiches* zoospore chemotaxis and germination ». *Plant physiology*, 159(4), 1658-1670.
- [4] Laloum, Y., Gangneux, C., Gügi, B., Lanoue, A., Munsch, T., Blum, A., ... & Follet-Gueye, M. L. (2021). « Faba bean root exudates alter pea root colonization by the oomycete *Aphanomyces euteiches* at early stages of infection ». *Plant Science*, 312, 111032.

6^{èmes} Journées
scientifiques



de la SFR NORVEGE FED 4277
et de l'entente franco-qubécoise NOR-SÈVE

Jour 2 • Mercredi 10 juin 2026

**RÉSUMÉS
des
COMMUNICATIONS ORALES**

**SESSION
FONCTIONNEMENT DU SOL**

Signalisation sécheresse chez le peuplier

Drought signaling in Poplar

Sabine Carpin¹, François Héricourt¹, Frédéric Lamblin¹, Françoise Chefdor¹, Mélanie Larcher¹

¹Laboratoire de Physiologie, Écologie et Environnement (P2E), Université d'Orléans, INRAE USC1328, BP 6759, 45067 Orléans Cedex 2, France.

Résumé (Abstract):

Water deficit or drought is a critical environmental stress that can deeply impact plant growth in the actual context of global warming. Plants have evolved complex signaling pathways to detect and respond to osmotic stress generated by drought. One of these pathways rely on a multistep phosphorelay (MSP) involving histidine-aspartate kinases (HK) as osmotic sensors, phosphotransfer proteins (HPT) and response regulators (RR) [1-2]. In poplar, we isolated two sensors named HK1a and HK1b, three HPT proteins, six RRBs and eight RRAs which could be involved in drought sensing [3-6]. We showed that these receptors can act as osmosensors [7] and that their extracellular domain is involved in osmosensing function [8]. Altogether, our results, focused on this signaling pathway, lead us to propose these receptors as being involved in drought perception in our plant model. These results are corroborated by HK1 overexpression and ongoing Knock-out approaches.

Références (References):

- [1] Zschiedrich C.P., Keidel V., Szurmant H. (2016). « Molecular mechanisms of two-component signal transduction ». *J. Mol. Biol* 428, 3752-3775.
- [2] Mira-Rodado V. (2019). "New insights into multistep-phosphorelay (MSP)/two-component system (TCS) regulation: are plants and bacteria that different?" *Plants* 8, 590.
- [3] Chefdor F, Bénédicti H, Depierreux C, Delmotte F, Morabito D, Carpin S. 2006. Osmotic stress sensing in *Populus*: Components identification of a phosphorelay system. *FEBS Lett* 580, 77-81.
- [4] Bertheau L, Chefdor F, etc...(2012). Identification of five B-type response regulators as members of a multistep phosphorelay system interacting with histidine-containing phosphotransfer partners of *Populus* osmosensor. *BMC Plant Biol* 12, 241.
- [5] Bertheau L, Djeghdir I, etc...(2015). Insights into B-type RR members as signaling partners acting downstream of HPT partners of HK1 in the osmotic stress response in *Populus*. *Plant Physiol. Biochem* 94, 244-252.
- [6] Chefdor F, Héricourt F, etc... (2018). Highlighting type A RRs as potential regulators of the dkHK1 multi-step phosphorelay pathway in *Populus*. *Plant Sci* 277, 68-78.
- [7] Héricourt F, Chefdor F, etc... (2016). Functional divergence of poplar histidine-aspartate kinase HK1 paralogs in response to osmotic stress. *Int. J. Mol. Sci* 17, 2061.
- [8] Makhokh H, Lafite P, etc...(2023). Searching for Osmosensing Determinants in Poplar Histidine-Aspartate Kinases. *Int. J. Mol. Sci* 24, 6318.

Contrôle du recyclage du soufre dans le système sol-plante par une culture de moutarde intercalaire : Projet COSMIC

Wassila Riah¹ & Frédérik Le Dily², Anne Cauchoix¹, Jean Christophe Avice² & Isabelle Gattin¹

¹ UniLaSalle, Campus Rouen - Unité de recherche AGHYLE UP 2018 C.101- SFR Normandie Végétal FED4277, 3 rue du Tronquet, 76130 Mont Saint Aignan, France.

² Normandie Univ, UNICAEN, INRAE, UMR EVA, SFR Normandie Végétal FED4277, Esplanade de la Paix, F-14032 Caen, France.

Résumé (Abstract):

La disponibilité du soufre dans les sols a diminué ces dernières années en raison de la réduction des dépôts atmosphériques d'origine industrielle et de la réduction des apports liés à la fertilisation, entraînant des carences et des pertes de rendement [1]. Pour y remédier, les cultures intermédiaires multi-services (CIMS) pièges à sulfate telles que la moutarde (*Brassica juncea* L.) ou le colza (*Brassica napus* L.) représentent une stratégie agroécologique susceptible d'améliorer le recyclage du soufre via l'activité microbienne du sol impliquée dans la minéralisation de leurs résidus. Le projet COSMIC 2020 vise à évaluer (i) la capacité des CIMS à prélever et assimiler le soufre et (ii) la capacité du sol à restituer l'élément S aux cultures suivantes après destruction et minéralisation des CIMS. Colza et moutarde ont ainsi été produits en conditions contrôlées sous deux régimes de fertilisation soufrée (S+ non limitant, S- limitant) avec marquage isotopique (³⁴S, ¹⁵N), et les résidus incubés dans un sol limoneux en microcosmes. Les résultats montrent que la qualité des résidus dépend de l'espèce et du S préalablement disponible : la moutarde montre des teneurs plus élevées en azote et des rapports C/N plus faibles que le colza, tandis que la disponibilité en S agit sur les formes de stockage du S dans les tissus des CIMS. L'incorporation des CIMS stimule la minéralisation du carbone, la biomasse et les activités enzymatiques microbiennes, et induit une immobilisation transitoire de l'azote. La dynamique du S dépend du statut des tissus enfouis : les résidus S+ favorisent la minéralisation et la libération de sulfate, tandis que les résidus S- entraînent son immobilisation temporaire. Ces résultats confirment le rôle clé des microorganismes dans le cycle du S [3] et les impacts respectifs de la moutarde et du colza dans ce recyclage [2]. Le choix des CIMS détermine donc l'efficacité de cette pratique culturale sur les processus microbiens et sur la disponibilité future du soufre pour les cultures suivantes.

Remerciements (Acknowledgements):

Les auteurs remercient la Région Normandie pour le financement du projet COSMIC (RIN Recherche « Emergent » 2021, la SFR Normandie Végétal FED4277 pour son soutien, et le Plateau d'isotopie de Normandie (PLATIN'-IBiSA, Unité de Service EMERODE, Université Caen) pour les analyses isotopiques.

Références (References):

[1] Kolbe H. (2024). « Meta-Study on Sulphur Supply of Various Crop Species in Organic Farming Between 1998 and 2023 in European Countries ». *Agronomy*. 14(12), pp. 2975. <https://doi.org/10.3390/agronomy14122975>

[2] Rezgui R., Cheviron N., Riah-Anglet W. (2021). « Crop residue quality shapes soil microbial communities and C and N dynamics ». *Applied Soil Ecology*. 168, pp. 104123. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2021.104123r>

[3] León Ninin J.M., Dreher C.L., Kappler A., Planer-Friedrich B. (2025). « Sulfur depletion through repetitive redox cycling unmasks the role of the cryptic sulfur cycle in soils ». *Environmental Science: Processes & Impacts*. 27, pp. 1839–1851. <https://doi.org/10.1039/D4EM00764F>

Toward a Soil Digital Twin from Multifunctionality Assessment at the plot scale

HAFSIA Mohamed El Aziz¹, Jérôme Dantan¹, Wassila Riah¹, Isabelle Trinsoutrot-Gattin¹ & Jérôme Fortin²

¹ UniLaSalle, SFR NORVEGE FED 4277, AGHYLE UP 2018.C101, 76130 Mont-Saint Aignan, France.

² UniLaSalle, GeNumEr Research Unit UP 2018.C101, 60000 Beauvais, France.

Résumé (Abstract):

Soil is a complex system in which physical, chemical, and biological processes interact nonlinearly across scales within the soil profile, giving rise to multiple functions whose response to a given external forcing (management practice, climatic event, or land-use change) depends both on inherent soil properties (texture, topography, depth) and on the system's rapidly changing state variables at time t (moisture, temperature, microbial activity) [1]. Predicting the dynamics of soil multifunctionality under changing management and climate is therefore essential for sustainable agriculture yet remains challenging. Systemic process-based models, mechanistically couple subsoil processes, and can simulate management effects on multiple functions simultaneously. However, their predictions of soil's functional variables (e.g. SOC, aggregate stability, CEC) dynamics are highly sensitive to parametric uncertainty and to processes left unrepresented in their structure. Compounding this, manual parameter tuning by trial and error becomes inefficient and unsustainable as model complexity grows, with equifinality blurring parameter identifiability and frequent recalibration required whenever the pedoclimatic context shifts. Finally, these models offer limited capacity for site-specific conditioning on local observations, which constrains their ability to capture how processes interact and thus soil functions respond under the same forcing across heterogeneous field conditions.

We propose a self-calibrating soil digital twin framework, deployed on instrumented field sites, that combines soil process-based modeling with a sequential data assimilation (DA) loop. The loop ingests in situ sensor streams (e.g. moisture, temperature, CO₂ fluxes), satellite remote sensing (e.g. Sentinel-2 for canopy state), and weather station data to correct state variables and auto calibrate their related model parameters in near real time, while accounting for site-specific spatial and temporal heterogeneity at field scale.

By replacing manual tuning with an automated, observation-driven mechanism, the framework is expected to mitigate parametric uncertainty, partially compensate for unrepresented processes, and reduce the gap between simulated and observed state variables. While long-term projections remain constrained by climate forcing uncertainty and accumulated structural errors, the framework is expected to improve short-to-medium term predictive skill and provide quantified uncertainty bounds on soil function trajectories. This opens concrete operational possibilities: testing management scenarios before field implementation, anticipating effects of practice changes, and guiding agronomic decisions toward joint optimization of soil functions, grounded in a continuously updated representation of the soil system rather than in intuition or aggregate averages.

Remerciements (Acknowledgements):

This work is in the frame of the "Twin Farms" project that received State aid managed by the French National Research Agency under the France 2030 plan, reference ANR-24-PEAE-0005.

Références (References):

[1] Vogel H.-J., Bartke S., Daedlow K., Helming K., Kögel-Knabner I., Lang B., Rabot E., Russell D., Stössel B., Weller U., Wiesmeier M., Wollschläger U. (2018). "A systemic approach for modeling soil functions", SOIL, vol. 4, n° 1, p. 83-92. <https://doi.org/10.5194/soil-4-83-2018>

Vers une interprétation fonctionnelle des indicateurs organo-biologiques du sol : premiers résultats du projet CaSdar LienDuSol

Mathias FONTEZ¹, Nadia BENNEGADI-LAURENT¹, Romain TSCHÉILLER², Cyriaque CARTON-MOREAU³, Justine LE NET³, Matthieu VALE³, Florent LEVAVASSEUR⁴, Anne-Sophie PERRIN⁵, Xavier SALDUCCI⁶, Wassila RIAH-ANGLET¹

¹ UniLaSalle Campus Rouen, AGHYLE UP 2018-C101, SFR NORVEGE, Fed 4277.

² Arvalis-Institut du Végétal.

³ AUREA AgroSciences.

⁴ INRAE ECOSYS.

⁵ Terres Inovia.

⁶ Celesta-lab.

Résumé (Abstract):

La L'utilisation conjointe d'indicateurs organo-biologiques, physiques et chimiques permet d'établir un diagnostic plus complet pour faire face aux enjeux de la gestion durable des sols. Toutefois, les indicateurs biologiques manquent encore de méthodes d'interprétation fonctionnelles pour relier les mesures aux processus biologiques. Le projet LDS (2024-2028), vise à lever ce verrou méthodologique. En prolongeant les acquis du projet MBT [1], l'objectif est de transformer ces mesures en outils de pilotage pour les gestionnaires des sols.

En 2025, une campagne de terrain a été conduite sur 20 sites expérimentaux en grandes cultures à travers la France. Plus de 20 indicateurs organo-biologiques normalisés ont été analysés en laboratoire [2], parallèlement à des mesures in situ des fonctions du sol. Cette approche confronte les valeurs des indicateurs aux réponses fonctionnelles observées. Enfin, la caractérisation physico-chimique des sites complète ce dispositif afin d'ajuster l'interprétation des indicateurs selon le contexte pédoclimatique.

Les résultats préliminaires indiquent une structuration des données caractérisée par la prédominance de l'effet site. L'enjeu est d'isoler la part des réponses des indicateurs relevant du contexte pédoclimatique de celle traduisant les processus fonctionnels du sol. L'identification de ces indicateurs "fonctionnels", dont le comportement converge sur l'ensemble des sites, permet de construire des modèles indépendants de l'effet site pour établir des méthodes d'interprétation généralisables.

En reliant indicateurs et fonctions du sol, le projet LDS pourra fournir aux agriculteurs des outils pour évaluer et orienter les pratiques culturales à l'échelle de la parcelle. Au-delà du contexte national, ce projet contribue à poser les jalons d'une harmonisation européenne des indicateurs biologiques, répondant aux besoins croissants de politiques publiques fondées sur la santé des sols.

Remerciements (Acknowledgements):

Ministère de l'Agriculture de la Souveraineté alimentaire et de la Forêt, Chambre d'Agriculture Alsace, Chambre d'Agriculture Bretagne, Chambre d'Agriculture Pays de Loire, INP Purpan, RMT Bouclage.

Références (References):

[1] Perrin A.-S., Tscheiller R., Riah-Anglet W., Cusset E., Valé M., Barbot C., Roussel P.-Y., Recous S., Deschamps T., Houot S., Lambert Y., Leclerc B., Bouthier A., Trinsoutrot-Gattin I., Bennegadi-Laurent N. (2023). Microbioterre : référencer des indicateurs de microbiologie des sols et les intégrer dans l'analyse de terre de routine, pour améliorer la gestion des apports de matières organiques aux champs, Innovations Agronomiques 88, 14-27.

[2] Cusset, E., Bennegadi-Laurent, N., Recous, S., Bernard, P. Y., Perrin, A. S., Tscheiller, R., Trinsoutrot-Gattin I., Riah-Anglet, W. (2024). Which soil microbial indicators should be included in routine laboratory tests to support the transition to sustainable management of arable farming systems? A meta-analysis. Ecological Indicators, 167, 112706.

Vers des systèmes agricoles régénératifs : diagnostic multi-paramétrique des sols pour accompagner la transition agroécologique (Projet ARPEGE)

Onja Ratsiatosika¹, Mélanie Bressan¹, Thomas Monville², Simon Leroyer², Paul Nouvellon², Mathieu Dauphin³, Jules Plaire³, Mohamed El Aziz Hafsia¹, Isabelle Trinsoutrot-Gattin¹, Wassila Riah-Anglet¹

¹ UniLaSalle, AGHYLE ROUEN UP 2018.C101, SFR NORVÈGE FED 4277- 76130 Mont Saint Aignan, France.

² Axéreal, 36 Rue de la Manufacture 45160 Olivet, France.

³ Greenback SAS (nom commercial : Genesis), 9 rue Saint Fiacre, 75002 Paris, France.

Résumé (Abstract):

Face aux défis croissants auxquels est confrontée l'agriculture, et dans un contexte de transition agroécologique, l'agriculture régénérative apparaît comme une approche innovante centrée sur la santé des sols, visant à concilier performance agronomique, réduction des intrants et restauration des fonctions écosystémiques [1]. L'agriculture régénérative s'appuie sur des principes tels que la diversification des rotations, la couverture des sols et la limitation des perturbations du sol [2]. Le projet ARPEGE, porté par la coopérative Axéreal, en partenariat avec Genesis, Terres Inovia, AXA Climate et Fertiberry Semences et UniLaSalle ambitionne de développer des filières agricoles bas carbone et à faible impact environnemental, notamment autour des pois protéagineux en s'appuyant sur un schéma d'agriculture régénérative en Région Centre Val de Loire. L'un des piliers du projet repose sur l'évaluation fine de la santé des sols, à travers le déploiement d'indicateurs physiques, chimiques et biologiques, permettant de caractériser leur état initial et d'en suivre l'évolution. Cette approche s'appuie sur un réseau de 334 parcelles agricoles couvrant une large diversité de pratiques (rotations culturales, couverts végétaux, travail du sol, restitutions carbonées) et de contextes pédoclimatiques. Afin de caractériser ces pratiques, des enquêtes ont été conduites auprès des agriculteurs sur une période de six années (2020–2025). Par ailleurs, un diagnostic multi-paramétrique initial des sols a été réalisé sur chaque parcelle sur l'horizon 0–30 cm. L'objectif est d'analyser les relations entre pratiques agricoles, propriétés des sols et performances agronomiques, afin d'identifier les facteurs déterminants de la santé des sols et de la durabilité des systèmes de culture. Les résultats de ce projet visent à alimenter la construction de recommandations agronomiques pour la mise en place de rotations fondées sur des pratiques régénératives, adaptées aux conditions locales et résilientes face aux aléas climatiques.

Remerciements (Acknowledgements):

Les auteurs remercient BPI France pour son soutien financier dans le cadre du projet ARPEGE, ainsi que l'ensemble des partenaires impliqués pour leur contribution à la mise en œuvre de cette étude. Nous remercions également les agriculteurs ayant participé aux enquêtes et aux campagnes d'échantillonnage pour leur engagement et leur collaboration.

Références (References):

[1] Sher A., Li H., Ullah A., Hamid Y., Nasir B., Zhang J. (2024) « Importance of Regenerative Agriculture: Climate, Soil Health, Biodiversity and Its Socioecological Impact », *Discover Sustainability* 5, no 1 : 462, <https://doi.org/10.1007/s43621-024-00662-z>

[2] Newton P., Civita N., Frankel-Goldwater L., Bartel K., Johns C. (2020). « What Is Regenerative Agriculture? A Review of Scholar and Practitioner Definitions Based on Processes and Outcomes », *Frontiers in Sustainable Food Systems* 4 : 577723, <https://doi.org/10.3389/fsufs.2020.577723>

**SESSION
CROISSANCE & NUTRITION DES PLANTES**

Silicate-solubilizing microorganisms as key players in plant silicon acquisition: a comparative study of maize and rapeseed rhizospheres

Irouane Ziati¹, Philippe Laîné¹, Philippe Etienne¹

¹ Université de Caen Normandie, INRAE, UMR 950 EVA, SF Normandie Vegetal (FED4277), 14000 Caen, France (irouane.ziati@etu.unicaen.fr ; philippe.laine@unicaen.fr ; philippe.etienne@unicaen.fr)

Résumé (Abstract):

Silicon (Si), the second most abundant element in the Earth's crust after oxygen, is widely reported to sustain plant growth under environmental stresses. Although Si is omnipresent in soils, it mainly exists in insoluble mineral forms (like quartz and feldspaths) that are not taken up by plants. Indeed, Si is taken up mainly as monosilicic acid (Si(OH)₄), a Si form present in very small amount in the soil solution. Plant species exhibit differences in their capacity to accumulate Si, ranging from low accumulators such as rapeseed (~0.1% of dry weight) to high accumulators such as maize (~10% of dry weight). This variability is commonly attributed to differences in Si uptake efficiency, which is substantially higher in high-accumulator species than in low-accumulator ones [1]. However, the potential contribution of rhizosphere-associated microorganisms should not be overlooked. Indeed, these microorganisms may enhance Si availability through the solubilization of crystalline Si forms, thereby contributing to the observed interspecific variation in Si accumulation [2]. In line with this assumption, the aim of this study is to verify if the high Si accumulation observed in maize (compared to rapeseed) could be due to a selective recruitment of silicate-solubilizing microorganisms (SSM). To test this, isolation of SSM strains from the rhizosphere of both plants was performed in petri dishes containing a selective glucose agar medium supplemented with 0.25% insoluble Si in form of magnesium trisilicate. Under these conditions, the microorganisms of interest were identified by the formation of a peripheral halo indicating the solubilization of silicon trisilicate. First results indicate that no SSM were detected in the rhizospheric soil of rapeseed, whereas several SSM strains were successfully isolated from the maize rhizosphere. Next steps will include the molecular identification of these strains by 16S rRNA gene sequencing and the characterization of their putative plant growth-promoting (PGP) properties, such as indole-3-acetic acid (IAA) production, phosphate solubilization and ACC (1-aminocyclopropane-1-carboxylate) deaminase activity. The most effective SSM will be combined into a synthetic community (SSM SynCom) which will be inoculated onto maize and rapeseed plants to verify if these SSM lead to an increase of growth and Si content of one or both plants. This study will contribute to understanding plant-microbe interactions in the biogeochemical cycle of Si and will pave the way for the development of SSM as innovative agroecological solutions to increase Si content in plants and their resilience to abiotic stress.

Remerciements (Acknowledgements):

This work is supported by a grant from the MESR.

Références (References):

- [1] Thakral V, Raturi G, Sudhakaran S, Mandlik R, Sharma Y, Shivaraj S. M, Tripathi D. K, Sonah H, Deshmukh R. (2024). « Silicon, a quasi-essential element: Availability in soil, fertilizer regime, optimum dosage, and uptake in plants ». *Plant Physiology and Biochemistry*. vol. 208, p. 108459. <https://doi:10.1016/j.plaphy.2024.108459>
- [2] Sharma B, Kumawat K. C, Tiwari S, Kumar A, Dar R. A, Singh U, Cardinale M. (2023). « Silicon and plant nutrition—dynamics, mechanisms of transport and role of silicon solubilizer microbiomes in sustainable agriculture: A review ». *Pedosphere*. vol. 33(4), p. 534–555. <https://doi:10.1016/j.pedsph.2022.11.004>

Interactions Génotype x Fertilisations Azote & Soufre sur la qualité nutritionnelle des graines de colza

Yann DUAULT-BEKKER¹, Jean-Christophe AVICE¹, Jacques TROUVERIE¹, Alain BOUCHEREAU² & Jean-Charles MARTIN³

¹ Normandie Université, SFR Normandie Végétal, Université Caen Normandie, UMR INRAE-UNICAEN 950 EVA

² UMR INRAE 1349 IGEPP, Rennes ; ³UMR INRAE C2VN, Marseille

Contact : yann.duault-bekker@unicaen.fr

Résumé (Abstract):

Le colza (*Brassica napus* L.) est une culture oléoprotéagineuse majeure dont les graines produisent une huile riche en acides gras insaturés et un tourteau protéique à haute valeur nutritionnelle. La qualité de ces co-produits est modulée par le génotype mais également par les conditions de culture, notamment les apports en azote (N) et en soufre (S) [1,2]. Dans le cadre du projet ANR COMPLETE (COIza du chaMP à l'étable jusqu'à l'assiEtTE), le WP1 vise à caractériser les effets des interactions Génotype x Fertilisation N & S sur les composantes du rendement et la qualité nutritionnelle des graines de deux variétés de colza (Bonanza et Mambo) présentant des profils contrastés en termes de qualité grainière. Un dispositif expérimental en tunnel (IGEPP) a été mis en place en 2023-2024 avec trois conditions de fertilisation (HN_HS : 175 UN / 20 US, HN_LS : 175 UN / 0 US, LN_HS : 145 UN / 20 US). Les résultats montrent un fort effet variétal : Mambo présente un rendement grainier supérieur d'environ 30 % à Bonanza, une teneur en huile plus élevée et un indice de récolte plus grand. A l'inverse, Bonanza se distingue par une teneur en protéines, en soufre et en glucosinolates plus élevée. L'analyse protéique révèle que la carence en S (condition HN_LS) diminue l'accumulation des napines (protéines de 10 kDa, riches en cystéine) au profit d'une cruciférine à 31 kDa (pauvre en cystéine), affectant ainsi la qualité du tourteau. Les analyses métabolomiques confirment la richesse en glucosinolates de Bonanza, avec des effets différenciés de la fertilisation N x S selon le génotype. Des profils en polyphénols contrastés sont également observés puisque Mambo accumule davantage d'acide sinapique, de procyanidine et disinapoylgentiobiose, tandis que Bonanza accumule préférentiellement de la sinapine. Ces résultats soulignent que le choix variétal et le pilotage de la fertilisation N & S influencent de manière significative et différenciée la qualité nutritionnelle des graines de colza. Grâce à des travaux complémentaires conduits sur des animaux, ces effets sur les traits de qualité des graines de colza sont actuellement étudiés sur la valeur santé du tourteau introduit dans la ration alimentaire des vaches ainsi que sur les performances et le stress oxydant des vaches laitières et de leurs veaux à la naissance [3].

Remerciements (Acknowledgements):

Ce travail ainsi que la bourse de thèse de Yann Duault-Bekker sont financés par le projet ANR COMPLETE (ANR-21-CE20-0002) et la Région Normandie (cofinancement de thèse).

Références (References):

- [1] Poisson E., Trouverie J., Brunel-Muguet S., Akmouche Y., Pontet C., Pinochet X., Avice J.-C (2019) Seed yield components and seed quality of oilseed rape are impacted by sulfur fertilization and its interactions with nitrogen fertilization. *Frontiers in Plant Science*. Vol. (10:458), doi:10.3389/fpls.2019.00458
- [2] Bennouna D., Avice J.-C, Rosique C., Svilar L., Pontet C., Trouverie J., Fine F., Pinochet X., Fraser K., Martin J.-C (2019) The impact of genetics and environment on the polar fraction metabolome of commercial *Brassica napus* seeds: a multi-site study. *Seed Science Research Volume* (29), pp. 167-178 doi:10.1017/S0960258519000138
- [3] Bennouna D., Tourniaire F., Durand T., Galano J.-M, Fine F., Fraser K., Benatia S., Rosique C., Pau C., Couturier C., Pontet C., Vigor C., Landrier J.-F, Martin J.-C, (2021). The *Brassica napus* (oilseed rape) seeds bioactive health effects are modulated by agronomical traits as assessed by a multi-scale omics approach in the metabolically impaired ob-mouse. *Food Chemistry: Molecular Science*, Vol (2), 100011. <https://doi.org/10.1016/j.fochms.2021.100011>

Adhésion du tube pollinique : le rôle clef des pectines

Juliette Cremer¹, Olivier Perruchon¹, Marc Ropitiaux^{1,2}, Amelie Morin¹, Arnaud Lehner¹ & Jean-Claude Mollet¹

¹ Univ Rouen Normandie, GLYCOMEVR UR 4358, SFR NORVEGE, Fédération Internationale Normandie-Québec NORSEVE, Carnot I2C, RMT BESTIM, GDR Chémobiologie, IRIB, F-76000 Rouen, France.

² HeRaLeS (High-tech Research infrastructures for Life Sciences) CNRS UAR 2026, INSERM US 51, PRIMACEN, Univ Rouen Normandie, IBISA, IRIB, France-Biolmaging, F-76000 Rouen, France.

Résumé (Abstract):

Dans un contexte de changement climatique, améliorer l'efficacité de la reproduction des cultures constitue un défi majeur pour l'agriculture durable et la sécurité alimentaire. La reproduction sexuée des plantes est essentielle à la production de graines et de fruits, qui sont à la base de la nutrition humaine [1]. Pendant la reproduction sexuée, les grains de pollen arrivent sur le stigmate, y adhèrent, germent et génèrent un tube pollinique. Cette cellule polarisée est caractérisée par une croissance apicale et transporte les gamètes mâles à travers le style et les ovaires jusqu'aux ovules. La progression du tube pollinique nécessite plusieurs mécanismes dont l'adhésion à la paroi des cellules du tissu femelle [2]. Cette adhésion serait médiée par les polysaccharides pariétaux, en particulier les pectines [3], mais les motifs nécessaires à cette adhésion restent peu définis.

Dans ce but, nous avons adapté un test d'adhésion *in vitro* pour les tubes polliniques en utilisant des matrices d'adhésion artificielles enrichies en polymères constitutifs de la paroi cellulaire d'*Arabidopsis thaliana* de type sauvage (Pectines et Xyloglucane). Les matrices enrichies en pectines ont permis l'adhésion. Ainsi, des matrices d'adhésion extraites de mutants affectés dans la biosynthèse ou le remodelage des pectines ont été utilisées. Afin de déterminer les motifs polysaccharidiques impliqués dans les phénomènes d'adhésion cellule/cellule, nous avons mis en place une technique de déconstruction enzymatique. Pour cela, les matrices d'adhésion enrichies en pectines ont été digérées par différents cocktails enzymatiques capables de dégrader les chaînes latérales ou le backbone des pectines. Cette digestion a été suivie d'une chromatographie d'exclusion stérique et a permis l'identification de motifs pectiques distincts requis pour l'adhésion du tube pollinique. Ces résultats apportent de nouvelles perspectives sur les mécanismes moléculaires des interactions tube pollinique-stigmate et contribuent ainsi à une meilleure compréhension du succès reproductif des plantes.

Références (References):

[1] Althiab-Almasaud R., Teyssier E., Chervin C., Johnson M., Mollet J.-C (2024) « Pollen viability, longevity, and function in angiosperms: key drivers and prospects for improvement », *Plant Reproduction*. vol. n°37 p. 273-293. <https://doi.org/10.1007/s00497-023-00484-5>

[2] Mollet J.-C, Faugeron C., Morvan H. (2007) « Cell adhesion, separation and guidance in compatible plant reproduction », *Annual Plant Reviews*. vol. n°25 p. 69-90. <https://doi.org/10.1002/9780470988824.ch4>

[3] Mollet J.-C, Park S.-Y, Nothnagel E., Lord E. (2000) « A lily stylar pectin is necessary for pollen tube adhesion to an *in vitro* stylar matrix », *Plant Cell*. Vol n°12 p.1737-1749. <https://doi.org/10.1105/tpc.12.9.1737>

Cellules à croissance polarisée et ultrastructures : vers la compréhension de la biosynthèse de la paroi cellulaire végétale

Marc Ropitiaux^{1,2}, Jules Noury¹, Mathieu Desnos¹, Gaëlle Durambur¹, Sophie Bernard², Amélie Morin¹, Arnaud Lehner & Jean-Claude Mollet¹

¹ Université de Rouen Normandie, GLYCOMEVR UR 4358, SFR Normandie Végétal FED 4277, Innovation Chimie Carnot, GDR Chemobiologie, IRIB, F-76000 Rouen, France.

² Université de Rouen Normandie, INSERM US 51, CNRS UAR 2026, HeRaLeS- PRIMACEN, France Biolmaging, Euro-Biolmaging, Innovation Chimie Carnot, F-76000 Rouen, France.

Résumé (Abstract):

Les cellules à croissance polarisée, telles que le tube pollinique, est un modèle de choix pour l'étude de la paroi cellulaire végétale. Pour compléter les données issues des analyses physiologiques et génétiques, l'analyse des ultrastructures est indispensable pour comprendre les mécanismes fins régissant la biosynthèse, la déposition et le transport des constituants pariétaux [1]. Toutefois, les méthodes de préparation permettant l'analyse des ultrastructures en microscopie électronique sur ce type de modèle s'avèrent complexes et surtout délétères pour la conservation des échantillons [2].

Nous présentons ici une approche fiable de culture semi-*in vivo* des tubes polliniques de tabac (*Nicotiana tabacum*) permettant de préserver et de visualiser finement leur ultrastructure. En combinant différentes stratégies de cryofixation et d'enrobage, nous démontrons la quantité de détails ultrastructuraux des tubes polliniques pouvant être obtenue par cette méthode.

Cette approche permet de faciliter le travail d'ultramicrotomie afin d'obtenir simultanément des dizaines de coupes longitudinales de ces échantillons réduisant le temps d'analyse. Elle permet également de visualiser l'organisation des ultrastructures des différentes régions fonctionnelles du tube pollinique (apical, subapical, latérale) [3] contribuant à une meilleure compréhension des mécanismes de biosynthèse et de dépôt de la paroi du tube polliniques [1].

Le principal avantage de cette méthode réside dans la production efficace d'un grand nombre de coupes longitudinales et potentiellement transversales, ce qui permettra d'obtenir des acquisitions détaillées et représentatives des structures des tubes polliniques en la microscopie électronique ou encore en *Correlative Light-Electron Microscopy* (CLEM). Cela sera une aide importante lors de la comparaison des tubes polliniques de souches sauvages et de mutants affectés dans les voies de la biosynthèse de la paroi, afin d'identifier même les altérations les plus subtiles de la morphologie des ultrastructures. Enfin, cela permettra également d'appliquer cette approche à d'autres modèles de cellules à croissance polarisée comme les protonemata de *Physcomitrium patens* ou les rhizoïdes de *Marchantia polymorpha*.

Remerciements (Acknowledgements):

Les auteurs remercient la Région Normandie pour son soutien financier au projet *Normandy Plant Technologies* (NPT). Ils remercient également la Plateforme d'imagerie cellulaire (PRIMACEN-IRIB, Université de Rouen Normandie, France, <http://www.primacen.fr>).

Références (References):

[1] Mollet J.-C., Leroux C., Dardelle F., Lehner A. (2013). « Cell wall composition, biosynthesis and remodeling during pollen tube growth », *Plants*, vol. 2013, n°2 p. 107–147. <https://doi.org/doi:10.3390/plants2010107>

[2] Fabrice T.N., Kaech A., Barmettler G., Eichenberger C, Knox J.-P., Grossniklaus U., Ringli C. (2017). « Efficient preparation of Arabidopsis pollen tubes for ultrastructural analysis using chemical and cryofixation ». *BMC Plant Biology*, vol. 2017, n°17, p. 176. <https://doi.org/10.1186/s12870-017-1136-x>

[3] Cai G., Parrotta L., Cresti M. (2014). « Organelle trafficking, the cytoskeleton, and pollen tube growth », vol. 2014, n°57, p. 63-78. <https://doi.org/10.1111/jipb.12289>

SESSION
BIOPRODUCTION À VISÉE THÉRAPEUTIQUE
&
VALORISATION DE LA BIOMASSE

Functional characterization of the alpha glucosidase II in *Chlamydomonas reinhardtii*, a key glycosylhydrolase involved in the quality control of N-glycoproteins

Carole Plasson*¹, Jules Delasalle*¹, Julia Van Bockstaele¹, Juliette Balieu¹, Benjamin Bourgeois², H el ene Dauchel^{2,3}, Yohan Stephan⁴, Jeremy Bellien⁴, Elodie Mathieu-Rivet¹, Patrice Lerouge¹, Muriel Bardor¹ and **Narimane Mati-Baouche**¹

¹ Universit e de Rouen Normandie, GlycoMEV UR 4358, SFR Normandie V g etal FED 4277, Innovation Chimie Carnot, IRIB, GDR CNRS Chemobiologie F-76000 Rouen, France Universit e de Rouen Normandie, GlycoMEV UR 4358, SFR Normandie V g etal FED 4277, Innovation Chimie Carnot, GDR CNRS Chemobiologie F-76000 Rouen, France.

² UnivRouen Normandy, INSERM US51 CNRS UAR 2026 (HeRaLeS Laboratory), Mont Saint Aignan, France.

³ UNIROUEN, LITIS EA 4108, Rouen, France.

⁴ UNIROUEN, INSERM U1096 EnVI, CHU Rouen, Department of Pharmacology, Normandie University, F-76000, Rouen, France

*Equal contribution of these authors

Corresponding author: narimane.mati@univ-rouen.fr

R sum  (Abstract):

The N-glycosylation pathway of proteins is one of the most important co- and post-translational modification of proteins in Eukaryotes¹. Glycoproteins are produced firstly in the endoplasmic reticulum (ER) where molecular actors such as glucosidases I and II are responsible for the proper folding and 3D conformation of proteins before their transfer into the Golgi apparatus². The growing interest of using *C. reinhardtii* as an emerging cell biofactory for the industrial production of recombinant glycoproteins require overall an in-depth understanding and analysis of protein N-glycosylation in this organism. Despite a relatively well-investigated N-glycosylation pathway in *C. reinhardtii*³, many lectins and glyco-enzymes involved in the N-glycosylation pathway in the ER are still not characterized. In this work, functional characterization of the putative alpha-glucosidase II (GSII) was conducted using combinatory approaches on *C. reinhardtii* insertional mutant cells in order to evaluate the impact of the *GSII* gene deletion compared to the WT cells and to give new insights on the ER N-glycosylation pathway in this microalga. Accumulation of free oligosaccharides (fOSs) and N-glycans such as Glc₂Man₅GlcNAc₂ are observed in the GSII mutant cells. Moreover, an over-expression of genes involved in the quality control of misfolded proteins, was observed in addition to an accumulation of reactive oxygen species (ROS), suggesting a physiological stress in the microalgae mutant cells.

R f rences (References):

- [1] Toustou, C., Walet-Balieu, M., Kiefer-Meyer, M., Houdou, M., Lerouge, P., Foulquier, F., and Bardor, M. (2022) Towards understanding the extensive diversity of protein N-glycan structures in eukaryotes. *Biological Reviews*. **97**, 732–748
- [2] Aebi, M. (2013) N-linked protein glycosylation in the ER. *Biochim Biophys Acta*. **1833**, 2430–2437
- [3] Mathieu-Rivet E, Mati-Baouche N, Walet-Balieu ML, Lerouge P, Bardor M. (2020) N- and O-Glycosylation Pathways in the Microalgae Polyphyletic Group. *Frontiers in Plant Science*. **11**,609993

Evolution of microbial communities and *Plant Growth Promoting (PGP)* functionalities in a continuous flow vermicomposting system

Amandine CHEVALIER^{1,2}, Mélanie BRESSAN¹, Maxime GOTTÉ², Isabelle TRINSOUTROT-GATTIN¹

¹ Institut Polytechnique UniLaSalle, SFR NORVEGE FED 4277, AGHYLE UP 2018.C101, 76130 Mont Saint Aignan, France.

² Société Veragrow, Parc d'activités du Vauvray, 1 voie des Vendaises, 27100 Val-de-Reuil, France.

Résumé (Abstract):

Vermicompost, resulting from the degradation of organic matter by earthworms and their gut microbiota, is a complex amendment rich in Plant Growth Promoting (PGP) microorganisms. In the context of agroecological transition, its microbial potential represents a promising alternative for the development of biostimulants, contributing to improved soil and plant health while reducing reliance on chemical inputs [1].

This study, conducted within an industrial continuous-flow vermicomposting system, aims to characterise the bio-physicochemical organisation of vermicompost and to better understand the associated microbial dynamics.

A stratigraphic core sampling approach was implemented within a production line of the Veragrow company. Four strata were analysed using physicochemical and microbiological indicators, combining culturomics, molecular biology, and metabolic profiling (Biolog®). In parallel, key PGP functions — phosphorus solubilisation, siderophore and auxin production, and nitrogen fixation — were assessed using qualitative and quantitative approaches.

The results reveal a clear vertical structuring of microbial communities. Bacterial and fungal populations decrease along the process, suggesting the biological stabilisation of the substrate [2], whereas sporulated bacteria increase in deeper strata, suggesting adaptation to more challenging environmental conditions. Functional variations were also observed, notably with an increase in auxin (IAA) production in mature vermicompost [3].

These findings provide new insights into microbial dynamics during vermicompost formation and maturation, contributing to optimising its potential as a source of biostimulant compounds. Future work will focus on assessing the impact of storage conditions on the viability and functionality of PGP microorganisms, in order to better understand their influence on the quality and efficacy of vermicompost-based biostimulants.

Remerciements (Acknowledgements):

Ce travail a bénéficié du soutien financier de l'ANRT dans le cadre d'une thèse CIFRE. Ce travail a été réalisé au sein de la plateforme IBiSA AgroBioTech.

Références (References):

- [1] Geelen D., Xu L. (2018). "Developing Biostimulants From Agro-Food and Industrial By-Products", *Frontiers in Plant Science*. <https://doi.org/10.3389/fpls.2018.01567>
- [2] Lazcano C., Gomez-Bandon M., Dominguez J. (2008). "Comparison of the effectiveness of composting and vermicomposting for the biological stabilization of cattle manure", *Chemosphere*. <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2008.04.016>
- [3] Puga-Freitas R., Barot S., Taconnat L., Renou J., Blouin M. (2012). "Signal Molecules Mediate the Impact of the Earthworm *Aporrectodea caliginosa* on Growth, Development and Defence of the Plant *Arabidopsis thaliana*", *PlosOne*. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0049504>

Développement de matériaux polymériques à base de cellulose imprimés en 3D pour des applications d'isolation électrique

LECOUBLET Morgan^{1,2}, RAGOUBI Mohamed², LEBLANC Nathalie¹, KOUBAA Ahmed²

¹ UniLaSalle, unité de recherche ECLORE, 76130, Mont Saint Aignan, France.

² Institut de Recherche sur les Forêts (IRF), Université Du Québec en Abitibi-Témiscamingue, 445, Boulevard de L'Université, Rouyn-Noranda, Québec, J9X 5E4, Canada.

Résumé (Abstract):

Les matériaux diélectriques sont des matériaux indispensables dans notre monde actuel, reposant sur l'utilisation de composantes pétrosourcés. Il est néanmoins possible, voire souhaitable, de les substituer par des matériaux biosourcés. De récents travaux ont démontré la pertinence d'utiliser de la biomasse cellulosique ainsi que de nouvelles technologies de mise en œuvre telles que l'impression 3D pour obtenir des matériaux diélectriques biosourcés performants. Cependant, à notre connaissance, l'utilisation combinée de cellulose et d'impression 3D n'a été que très peu explorée malgré son indéniable intérêt. Le travail proposé vise à répondre à cette problématique en étudiant la combinaison d'acide polylactique et de différents matériaux cellulosiques (cellulose microcristalline, cellulose nanocristalline et acétate de cellulose) imprimés par *Fused Filament Fabrication*, sur les propriétés multiphysiques, notamment mécaniques et diélectriques des échantillons produits. L'utilisation de l'acétate de cellulose associée à l'acide polylactique (PLA) a réduit la rigidité du PLA, permettant la production de matériaux capables de remplacer le PEBD une fois imprimé avec de faibles taux de remplissage. De plus, l'ajout de CA a considérablement réduit la perte des propriétés mécaniques du PLA à l'état caoutchouteux par rapport à l'état vitreux. L'utilisation de particules de cellulose sous forme de MCC et de NCC a amélioré la rigidité mécanique du PLA, le rendant approprié pour des applications dans l'isolation électrique, en remplacement du PEBD et du PEHD. Cet article confirme le potentiel très intéressant de la cellulose, mais appelle également à poursuivre les recherches afin d'optimiser les matériaux proposés. Enfin, il a été noté que les propriétés mécaniques et diélectriques sont inversement corrélées, démontrant qu'il pourrait être potentiellement possible de prédire les propriétés mécaniques si leurs propriétés diélectriques sont connues, et inversement.

Références (References):

- [1] Khouaja A, Koubaa A, Daly H. "Dielectric properties and thermal stability of cellulose high-density polyethylene bio-based composites". *Ind Crop Prod* 2021;171:113928. <https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2021.113928>
- [2] Barbosa KM, Martinez GA, Pereira F da C, Higuti RT, Kitano C, Galeti JH. High voltage optical sensor insulation using PLA (polylactic acid). 2018 13th IEEE International Conference on Industry Applications (INDUSCON), São Paulo, Brazil: IEEE; 2018, p. 1362–7. <https://doi.org/10.1109/INDUSCON.2018.8627188>

Valorization of Brewer's Spent Grain as a Lignocellulosic Filler for Sustainable PBS-Based Biocomposites: Influence of Pretreatments on Moisture Sensitivity and Interfacial Interactions

Jules Bellon¹, Ferial Bacoup¹, Stéphane Marais², Kateryna Fatyeyeva², Richard Gattin¹

¹ Normandie Université, SFR Normandie Végétal, UniLaSalle, ECLORE, Mont-Saint-Aignan, France.

² Normandie Université, Université de Rouen Normandie, UMR PBS, Mont-Saint-Aignan, France.

Résumé (Abstract):

The incorporation of agro-industrial residues into biodegradable polymers represents a promising strategy for developing sustainable materials. Brewer's spent grain (BSG), the main lignocellulosic by-product of the brewing industry, is a potential filler for poly (butylene succinate) (PBS) composites [1]. However, lignocellulosic fillers exhibit a strong affinity for water due to the abundance of hydroxyl groups, which may induce fiber swelling, interfacial weakening and reduced mechanical stability under humid conditions [2, 3].

The hypothesis of this work is that combining surface cleaning and physicochemical modification of BSG with reactive compatibilization of the polyester matrix can simultaneously reduce filler hygroscopicity and improve matrix–filler interactions. Different pretreatment strategies are therefore investigated, including aqueous washing, hydroalcoholic washing (ethanol–water), acetylation and thermal treatment, aiming to remove extractives and decrease the number of accessible hydroxyl groups. These treatments are expected to reduce water vapor sorption and improve mechanical stability of PBS/BSG composites under humid conditions. However, reducing hydroxyl availability may also affect the efficiency of maleic-anhydride grafting, suggesting a trade-off between moisture resistance and interfacial reactivity.

The objective is therefore to investigate the influence of BSG pretreatments on the mechanical properties of PBS/BSG composites under dry and humid conditions, in relation to their water sorption behavior. This approach contributes to the circular valorization of agro-industrial residues within sustainable material systems.

Références (References):

[1] Hejna A., Barczewski M., Kosmela P., et al. (2024). More than just a beer – Brewers' spent grain as potential functional filler for polymer composites. *Waste Management*, 180, 23–35.

[2] Bledzki A.K., Gassan J. (1999). Composites reinforced with cellulose-based fibres. *Progress in Polymer Science*, 24, 221–274.

[3] Pickering K.L., Efendy M.G.A., Le T.M. (2016). A review of recent developments in natural fibre composites and their mechanical performance. *Composites Part A*, 83, 98–112P

Influence du lavage sur les propriétés physicochimiques et la durabilité du roseau destiné aux toitures en chaume

Désiré Ndahirwa¹, Ferial Bacoup¹, Hafida Zmamou¹, Nathalie Leblanc¹, Christophe Belloncle²,
Virginie Seguin³, David Garon³, Guillaume Deguilhem⁴

¹ Normandie Université, SFR Normandie Végétal, UniLaSalle, Unité de Recherche ECLORE, 76130 Mont Saint Aignan, France.

² Ecole Supérieure du Bois, 44000 Nantes, France.

³ Université Caen Normandie, ABTE EA4651–ToxEMAC, 14000 Caen, France.

⁴ Parc Naturel Régional de Brière, 44720 Saint-Joachim, France.

Résumé (Abstract):

Répandu dans la plupart des zones humides du monde, le roseau (*Phragmites australis*) est utilisé depuis la Préhistoire comme matériau de construction, notamment pour les toitures en chaume [1,2]. En France, les roselières couvrent 53855 hectares répartis sur 1722 sites, la Camargue constituant la principale région de récolte, devant la Bretagne et la Normandie [2]. Les toitures en chaume présentent de nombreux atouts, tels que leur caractère naturel, leur légèreté et leurs bonnes performances thermiques et acoustiques. Toutefois, leur durabilité, généralement comprise entre 30 et 50 ans, dépend de nombreux facteurs liés à la qualité du roseau, à la conception du toit, à l'entretien, ainsi qu'aux conditions environnementales et climatiques [3]. La présente étude est menée dans le cadre du projet national BATIROSEAU, financé par l'ADEME, dont l'objectif est d'évaluer l'impact de la salinité intrinsèque du roseau sur sa durabilité, ainsi que l'effet du lavage sur ses propriétés physico-chimiques et hygrothermiques. L'influence du lavage a été étudiée en comparant les caractéristiques physiques et chimiques du roseau avant et après traitement. Pour ce faire, des échantillons de roseau ont été immergés dans de l'eau osmosée pendant 3 et 5 jours. Des prélèvements de roseau et d'eaux de lavage ont ensuite été réalisés à ces échéances pour analyses. Les caractérisations ont porté notamment sur la teneur en sodium (Na), déterminée par spectrophotométrie d'émission de flamme après minéralisation, ainsi que sur le pH, la conductivité ionique, la composition biochimique et le comportement du roseau vis-à-vis de l'eau sous forme liquide et vapeur. Les résultats préliminaires montrent que le lavage du roseau permet d'extraire une partie du sodium initialement contenu dans la biomasse, confirmant l'efficacité du traitement par immersion. Le pH des eaux de lavage diminue au cours du temps, tandis que leur conductivité ionique augmente, traduisant la solubilisation progressive de composés minéraux et organiques. Avant lavage, le roseau est principalement composé de cellulose (environ 49-55%), suivie de l'hémicellulose (25-30%), des composés solubles dans l'eau (7-11%), puis des lignines et cutines (5-13%). Ces premiers résultats suggèrent que le lavage pourrait contribuer à améliorer la durabilité du roseau en réduisant sa teneur en sels solubles susceptibles d'accélérer certains phénomènes de dégradation. Des analyses complémentaires sont actuellement en cours afin de confirmer l'impact du lavage sur les propriétés physicochimiques du roseau et, à plus long terme, sur la durabilité des toitures en chaume.

Remerciements (Acknowledgements):

Les auteurs tiennent à remercier ADEME pour le financement du projet BATIROSEAU, dans le cadre duquel s'inscrit ce travail. Ils remercient également Jean-Baptiste Besnier, Samantha Vespier-Mori, Anne Cauchois et Magali Maniez, ainsi que l'ensemble des stagiaires ayant contribué à la réalisation des analyses.

Références (References):

- [1] J.F. Köbbing, N. Thevs, S. Zerbe, The utilisation of reed (*Phragmites australis*): a review, *Mires and Peat* 13 (2013) 1–14. <https://doi.org/https://doi.org/10.19189/001c.129325>
- [2] Parc naturels régionaux de France, Symbiose entre nature et habitat. Vers une filière roseau pour construire-demain, (2021). <https://www.parc-vosges-nord.fr/wp-content/uploads/2021/06/brochure-roseau-pnrvn-pnrb.pdf>
- [3] Parc naturel régional de Brière, Surveiller sa couverture en chaume. à Destination des habitants des chaumières, (2022). <https://www.parc-naturel-briere.com/wp-content/uploads/2022/07/Guide-Surveiller-sa-couverture.pdf>

6^{èmes} J  urnées
scientifi  ues

de la SFR NORVEGE FED 4277
et de l'entente franco-québécoise NOR-SÈVE

**RÉSUMÉS
des
COMMUNICATIONS AFFICHÉES**

N*-glycan xylosylation in the diatom *Phaeodactylum tricornutum

Julia van Bockstaele-Fuentes¹, Carole Plasson¹, Olivier Perruchon¹, Corinne Loutelier-Bourhis², Carlos Afonso², Patrice Lerouge¹, Narimane Mati-Baouche¹, Muriel Bardor^{1,3}

¹ Université de Rouen Normandie, GlycoMEV UR 4358, SFR Normandie Végétal FED 4277, Innovation Chimie Carnot, IRIB, GDR CNRS Chemobiologie F-76000 Rouen, France.

² Université de Rouen Normandie, INSA Rouen Normandie, Université de Caen Normandie, ENSICAEN, CNRS, Institut CARMEN UMR 6064, F-76000 Rouen, France.

³ Alga Biologics, 25 rue Tesnières, 76821 Mont-Saint-Aignan Cedex, France.

Résumé (Abstract):

In 2024, the biopharmaceutical market value reached above \$469 billions. This dynamic market includes monoclonal antibodies (mAbs) either originators or biosimilars, hormones, nucleic acid and engineered cell-based products. Currently, most of the mAbs are produced in mammalian cells, such as Chinese Hamster Ovary (CHO) cells. However, production in CHO cells is expensive and present potential risk of viral contamination. This explains the growing interest for the development of cost-effective, safer and more sustainable expression systems, such as microalgae. Since they are photosynthetic eukaryotic cells, their culture in photobioreactors is inexpensive. In addition, microalgae perform efficient folding and *N*-glycosylation of proteins. Moreover, microalgae are classified as Generally Recognized as Safe strains and, therefore, microalgae, such as the diatom *Phaeodactylum tricornutum*, have emerged as alternative cell factories for the production of biologics. So far, analyses of glycans *N*-linked to *P. tricornutum* proteins revealed mainly high mannose type *N*-glycans both on endogenous glycoproteins [1] and mAbs [2]. However, bioinformatic approaches allowed the identification of a putative sequence coding for a xylosyltransferase (PtXylT) in the *P. tricornutum* genome [3]. *N*-glycan xylosylation of plant-derived therapeutic proteins has been demonstrated to induce immune responses [4]. Therefore, the present research project aims to investigate the xylosylation processing of *Phaeodactylum tricornutum* *N*-glycans, that is currently poorly understood. In contrast, plant core $\beta(1,2)$ -xylosyltransferases (XylT) have been well-studied. In this context, we performed mass spectrometry analyses to identify xylosylated protein *N*-glycans in *P. tricornutum* Pt3 ecotype. Moreover, functional complementation of a tobacco mutant impaired in XylT activity with the gene coding for PtXylT confirmed that this glycosyltransferase is a core $\beta(1,2)$ -xylosyltransferase.

Remerciements (Acknowledgements):

This work is funded by the European Union under Grant Agreement 101119499 through the Marie Skłodowska-Curie Actions Glyco-N project. The authors gratefully acknowledge Nicole Raven and the **Fraunhofer Institute for Molecular Biology and Applied Ecology IME (Aachen, Germany)** for providing seeds of *Nicotiana benthamiana* XylT/FucT double mutant.

Références (References):

[1] Dumontier et al. (2021). «Identification of *N*-glycan oligomannoside isomers in the diatom *Phaeodactylum tricornutum*». *Carbohydrate Polymers* 259, 117660.

[2] Vanier et al. (2015). «Biochemical Characterization of Human Anti-Hepatitis B Monoclonal Antibody Produced in the Microalgae *Phaeodactylum tricornutum* » *PlosONE* 5, e0139282.

[3] van Bockstaele-Fuentes et al. (2025). « An overview of protein *N*-glycosylation diversity in microalgae ». *Frontiers in Plant Science* Vol 16., <https://doi.org/10.3389/fpls.2025.1669918>

[4] Bardor et al. (2003). «Immunoreactivity in mammals of two typical plant glyco-epitopes, core $\alpha(1,3)$ -fucose and core xylose» *Glycobiology* 13, 427-434. <https://doi.org/10.1093/glycob/cwg024>

Roles of cell wall arabinogalactan proteins in pea root responses to abiotic and biotic stress

Mariane Chédid¹, Vincent Lemaître^{1,2}, Mélanie Fortier^{1,3}, Olivier Perruchon¹, Marie-Christine Kiefer-Meyer¹, Marie-Laure Follet¹, Maité Viché¹

¹ Université de Rouen Normandie, GlycoMEV UR 4358, SFR Normandie Végétal FED 4277, Innovation Chimie Carnot, IRIB, GDR CNRS Chemobiologie F-76000 Rouen, France.

² Université de Rouen Normandie, Inserm, CNRS, Normandie Univ, HeRaLeS US 51 UAR 2026, PRIMACEN, France.

³ RAGT 2n, Centre de recherche de Druelle, F-12510 Druelle Balsac, France.

Résumé (Abstract):

Pea (*Pisum sativum*) is one of the most widely cultivated legumes of major economic importance. It provides significant nutritional benefits and promotes symbiotic nitrogen fixation. However, pea production is strongly affected by the high variability of spring climatic conditions. Rainy springs favor the spread of devastating root rot disease caused by the oomycete *Aphanomyces euteiches*. Conversely, dry springs induce early water deficits that compromise the growth of pea seedlings. Given the increasing unpredictability of spring weather conditions, cultivars tolerant to both root rot disease and early water stress are required in the context of climate change. To address this challenge, a better understanding of root responses of pea seedlings is required. The Root Extracellular Trap (RET), composed of associated cap-derived cells (AC-DCs) and their surrounding mucilage, acts as a first line of root defense [1]. Interestingly, we have found that both early osmotic stress and *A. euteiches* infection affect RET production in pea seedlings. In addition, the composition of root arabinogalactan proteins (AGPs) was shown to be altered under both stress conditions [2,3]. However, whether similar or distinct modifications of AGP structure occur in response to these stresses remains to be investigated.

Remerciements (Acknowledgements):

Marie-Laure Pilet-Nayel & Angélique Lesné (IGEPP, INRAE, Univ Rennes, France)
Floriant Barthès (RAGT 2n, Louville-La-Chenard, France).

Références (References):

[1] Driouich, A., Follet-Gueye M.L., Viché, M., & Moore, J. P. (2024). « The root extracellular trap ; a complex and dynamic biomatrix network essential for plant protection ». *Current opinion in plant biology*. vol. 82, p. 102656. <https://doi.org/10.1016/j.pbi.2024.102656>

[2] Laloum, Y., Gangneux, C., Gügi, B., Lanoue, A., Munsch, T., Blum, A., Gauthier, A., Trinsoutrot-Gattin, I., Boulogne, I., Viché, M., Driouich, A., Laval, K., & Follet-Gueye, M. L. (2021). Faba bean root exudates alter pea root colonization by the oomycete *Aphanomyces euteiches* at early stages of infection. *Plant science : an international journal of experimental plant biology*. vol. 312, p. 111032. <https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2021.111032>

[3] Cannesan, M. A., Durand, C., Burel, C., Gangneux, C., Lerouge, P., Ishii, T., Laval, K., Follet, M-L., Driouich, A. & Viché-Gibouin, M. (2012). « Effect of arabinogalactan proteins from the root caps of pea and *Brassica napus* on *Aphanomyces euteiches* zoospore chemotaxis and germination ». *Plant physiology*, 159(4), 1658-1670

Le microbiome de la phyllosphère et le continuum cuticule - paroi cellulaire végétale : un levier pour des pratiques agricoles durables

Gwenaëlle Cuvelier¹, Elna Kruger², Gaëlle Durambur¹, John P Moore², Azeddine Driouich¹, Maité Vicré¹, Josselin Bodilis¹, Eric Nguema-Ona³

¹ Université de Rouen Normandie, GlycoMEV UR 4358, SFR Normandie Végétal FED 4277, Innovation Chimie Carnot, IRIB, GDR CNRS Chemobiologie F-76000 Rouen, France.

² Institut de recherche de la vigne et du vin, Département de la Viticulture et de l'Oenologie, Université de Stellenbosch, Afrique du sud.

³ Laboratoire de Nutrition Végétal - Pôle Stress Biotique, Centre Mondial de l'Innovation - Roullier, Saint-Malo, France.

Résumé (Abstract):

La photosynthèse a lieu principalement dans les feuilles des plantes. Les produits issus de cette réaction influencent la production et la qualité des cultures en raison de leur rôle dans le développement de la biomasse végétale, du remplissage des graines et des fruits [1]. Le microbiome de la phyllosphère, i.e. l'ensemble des microorganismes présents sur les feuilles, participe à la réponse de la plante vis-à-vis de différents stress biotiques et abiotiques [2]. Ces microorganismes adhèrent plus particulièrement aux constituants lipidiques et polysaccharidiques présents à la surface des feuilles [3]. Au cours de cette dernière décennie, un fort intérêt pour l'étude de l'interaction entre la paroi et la cuticule a permis de faire émerger la notion d'un continuum entre ces deux structures [4]. Ce modèle continuum cuticule – paroi cellulaire apporte de nouvelles perspectives de recherche, notamment dans l'objectif d'une meilleure compréhension de l'organisation fonctionnelle des réseaux microbiens associés aux feuilles. Comprendre le rôle de ce continuum chez les plantes permettrait de mieux appréhender les processus de la colonisation de la feuille par les microorganismes, en particulier par les bactéries. Ces connaissances sont essentielles si l'on veut promouvoir l'utilisation de bactéries bénéfiques comme alternative respectueuse de l'environnement en agriculture. Dans cette étude, nous avons caractérisé le continuum cuticule - paroi des feuilles de vigne via l'immunocytochimie et imagerie cellulaire. Ainsi, nous avons évalué l'impact des molécules de la paroi, de la cuticule et des extraits algaux sur la colonisation de la surface des feuilles par deux bactéries bénéfiques (*Pseudomonas fluorescens* et *Bacillus subtilis*). Les résultats issus de ces recherches seront présentés et discutés lors de cette communication.

Références (References):

[1] Paul, M. J., Singh, G. M., Puranik, S., Griffiths, C. A., & Reynolds, M. P. (2026). Improving photosynthesis in agricultural environments. *Trends in Plant Science*.

[2] Bettenfeld, P., Cadena I Canals, J., Jacquens, L., Fernandez, O., Fontaine, F., van Schaik, E., Courty, P. E., & Trouvelot, S. (2022). The microbiota of the grapevine holobiont: A key component of plant health. *Journal of advanced research*, 40, 1–15

[3] Leveau, J. H. (2006). 11 Microbial communities in the phyllosphere. *Annual plant reviews, biology of the plant cuticle*, 23, 334.

[4] Heredia, A., Benítez, J. J., González Moreno, A., & Domínguez, E. (2024). Revisiting plant cuticle biophysics. *The New phytologist*, 244(1), 65–73

Identification of candidate cell wall remodelling enzymes in *Marchantia polymorpha* L.

Mathieu DESNOS¹, Arnaud LEHNER¹.

¹ Université de Rouen Normandie, GlycoMEV UR 4358, SFR Normandie Végétal FED 4277, Innovation Chimie Carnot, IRIB, GDR CNRS Chemobiologie F-76000 Rouen, France

Résumé (Abstract):

Plant cells are characterized by the presence of a cell wall. The primary cell wall is composed of a variety of proteins and polysaccharides, the latter of which are subdivided in three categories: cellulose, hemicelluloses and pectins. Cellulose forms many microfibrils, which are intertwined and tethered with the help of a hemicellulosic polysaccharide, xyloglucan. This fibrillar structure is then embedded in a gel-like matrix formed by pectins. During growth, cell wall undergoes a variety of changes, including the incorporation of newly synthesized polysaccharides, and the partial degradation of pre-existing ones. This process, also known as cell wall remodelling, allows the modification of the physical properties of the cell wall. This can lead to a loosening or a reinforcement of the wall. For this work, our goal is to decipher the mechanisms underlying the cell wall expansion and validate or not if cell growth is acutely controlled by the synthesis and the remodelling of pectic polymers. To do so, we work with the liverwort *Marchantia polymorpha*. In this poster I will show the workflow used to identify potential cell wall remodelling enzymes, including pectin degrading enzymes and pectin synthesis enzymes. For synthesis-related enzymes, *Marchantia*'s transcriptome was blasted against specific enzymes sequences from *Arabidopsis thaliana*. For pectin degrading enzymes, it was blasted against enzymes sequences from *Bacteroides thetaiotaomicron*, a member of the human gut microbiota which is capable of degrading homogalacturonans [1], and both types of rhamnogalacturonans [1, 2]. We then picked a pool of 10 genes identified with this method for which we will engineer over-expressing and knock-out transgenic lines, then phenotype these lines in regards to their shape, growth rate and cell wall polysaccharides localisation and composition using immunolabeling and analytical methods (GC-MS). During this thesis, Correlative Light Electron Microscopy will be developed to localize the pectic polymers and their remodelling enzymes within the secretory pathway during cell expansion in order to better understand the involvement of pectic polymers during cell expansion.

Remerciements (Acknowledgements):

We thank the LadHyX laboratory (UMR 7646) for their preliminary work on this project and for providing RNA-seq data obtained from *Marchantia polymorpha* Tak-1 strain.

We thank the BioPi laboratory, from the BioEcoAgro research unit (UMR 1158) for assessing enzymatic activity of the candidates obtained from this work.

Références (References):

- [1] Luis A. S., Briggs J., Zhan X., Farnell B., Ndeh D., Labourel A., Baslé A., Cartmell A., Terrapon N., Stott K., Lowe E. C., McLean R., Shearer K., Schückel J., Venditto I., Ralet M. C., Henrissat B., Martens E. C., Mosimann S. C., Abbott D. W., Gilbert H. J. (2018). « Dietary pectic glycans are degraded by coordinated enzymes pathways in human colonic *Bacteroides* », *Nature Microbiology*. vol. 2018, n°2, p. 210-219. <https://doi.org/10.1038/s41564-017-0079-1>
- [2] Ndeh D., Rogowski A., Cartmell A., Luis A. S., Baslé A., Gray J., Venditto I., Briggs J., Zhang X., Labourel A., Terrapon N., Buffetto F., Nepogodiev S., Xiao Y., Field R. A., Zhu Y., O'Neill M. A., Urbanowicz B. R., York W. S., Davies G. J., Abbott D. W., Ralet M. C., Martens E. C., Henrissat B., Gilbert H. J. (2017). « Complex pectin metabolism by gut bacteria reveals novel catalytic function », *Nature*. vol. n° 544, p. 65-70. <https://doi.org/10.1038/nature21725>

Au-delà de la colonisation racinaire : explorer les traits émergents des champignons mycorhiziens arbusculaires en lien avec la santé des plantes

Coline DEVEAUTOUR¹, Pedro M. ANTUNES², Sidney L. STURMER³

¹ Institut Polytechnique UniLaSalle, Unité AGHYLE, Campus Rouen, 76130, Mont-Saint-Aignan, Normandie, France.

² Biology Department, Algoma University, Sault Ste. Marie, ON, P6A 2G4, Canada.

³ Departamento de Ciências Naturais, Universidade Regional de Blumenau, Blumenau, SC, 89030-903, Brazil.

Résumé (Abstract):

De nombreuses études incluent les champignons mycorhiziens (CM) comme étant que bioindicateurs de la santé des plantes et du sol. Les CM arbusculaires forment des associations symbiotiques avec plus de 72 % des espèces de plante et contribuent à la résistance des plantes aux stress biotiques et abiotiques [1]. Les traits les plus largement utilisés pour étudier leurs contributions à la santé de la plante et du sol sont : le taux de colonisation de la racine (indicateur des échanges de nutriments avec la plante, et de la résistance aux stress) et la densité des spores dans le sol (indicateur en lien avec la dispersion et survie des CMA). Bien que la relation entre le taux de colonisation et ses bénéfices pour la plante démontrent parfois une corrélation évidente et linéaire, on observe aussi des corrélations non-linéaires, parfois même inexistantes [2]. Ainsi, nous ne pouvons nous limiter à cet indicateur pour étudier la santé des plantes et du sol.

De nombreux autres traits morphologiques (architecture du mycélium, capacité d'absorption, turn-over des arbuscules, ...), biochimiques (phosphatases, transporteurs, ...), et génétiques (contenu du génome, souches homocaryotes vs dicaryotes, ...) restent à explorer pour améliorer la prédictibilité de la fonction écologique des CMA [3]. Cette communication a pour objectif de présenter les traits encore peu étudiés des CMA et leur lien avec la santé de la plante et la qualité du sol.

Nous cherchons à promouvoir la connaissance sur d'autres traits peu explorés et émergents, ainsi que quelques approches standardisées pour les étudier [3].

Références (References):

[1] Brundrett, M.C. and Tedersoo, L. (2018). "Evolutionary history of mycorrhizal symbioses and global host plant diversity." *New Phytologist*, 220: 1108-1115. <https://doi.org/10.1111/nph.14976>.

[2] Frew A. (2025). "What does colonisation tell us? Revisiting the functional outcomes of root colonisation by arbuscular mycorrhizal fungi." *New Phytologist*. 247(4) : 1572–8. <https://doi.org/10.1111/nph.70284>

[3] Antunes, P. M., Stürmer, S. L., Bever, J. D., Chagnon, P. L., Chaudhary, V. B., **Deveautour, C.**, Fahey, C., Kokkoris, V., Lekberg, Y., Powell, J. R., Aguilar-Trigueros, C. A., & Zhang, H. (2025). "Enhancing consistency in arbuscular mycorrhizal trait-based research to improve predictions of function" *Mycorrhiza*, 35(2), 1–25. <https://doi.org/10.1007/s00572-025-01187-7>

Rôle de la protéine de surface bactérienne OprF dans la colonisation de la rhizosphère par *Pseudomonas fluorescens*

Rebecca Djamba¹, Olwen Simenel¹, Eulalie Fourneau¹, Baptiste Barbault¹, Barbara Pawlak¹, Josselin Bodilis¹

¹ Université de Rouen Normandie, GlycoMEV UR 4358, SFR Normandie Végétal FED 4277, Innovation Chimie Carnot, IRIB, GDR CNRS Chemobiologie F-76000 Rouen, France.

Résumé (Abstract):

Les interactions entre les plantes et les microorganismes sont indispensables pour la nutrition et la santé des plantes. Dans le sol, les racines des plantes libèrent des exsudats qui vont attirer, sélectionner et nourrir les microorganismes afin de former leur microbiote rhizosphérique [1]. Au sein de ce microbiote, différentes espèces bactériennes bénéfiques, dont *Pseudomonas fluorescens*, sont capables de stimuler la croissance végétale et/ou de protéger la plante contre des stress biotiques ou abiotiques [2]. Malgré l'importance de ce microbiote rhizosphérique pour la plante, les déterminants génétiques microbiens favorisant son assemblage sont encore peu connus. La protéine majoritaire de surface des *Pseudomonas*, OprF, est décrite comme multifonctionnelle : c'est une porine jouant notamment un rôle dans la formation de biofilm ou la résistance au stress osmotique [3]. Par ailleurs, OprF présente une variabilité de séquence protéique importante, y compris au sein d'une même espèce bactérienne. De manière intéressante, nous avons montré précédemment qu'il existait une relation entre le polymorphisme d'OprF et l'occurrence de certaines souches de *P. fluorescens* dans la rhizosphère [4, 5]. Afin de caractériser plus finement le rôle d'OprF dans la colonisation de la rhizosphère, nous avons réalisé des mutants par échange allélique entre deux souches de *P. fluorescens* possédant deux variants d'OprF différents (SBW25 et Pf0-1). Nous avons ainsi pu montrer qu'un des variants d'OprF favorise significativement la formation de biofilm sur surface inerte (polystyrène). Nous sommes actuellement en train de poursuivre cette étude par la réalisation de biofilm sur des racines d'*Arabidopsis thaliana* pour confirmer le rôle direct d'OprF dans la colonisation de la rhizosphère par *P. fluorescens*.

Références (References):

- [1] Tian T, Reverdy A, She Q, Sun B, Chai Y. The role of rhizodeposits in shaping rhizomicrobiome. *Environ Microbiol Rep.* 2020 Apr;12(2):160-172. doi: 10.1111/1758-2229.12816. Epub 2019 Dec 27. PMID: 31858707.
- [2] David, B.V., Chandrasehar, G., Selvam, P.N., 2018. *Pseudomonas fluorescens*: A Plant-Growth-Promoting Rhizobacterium (PGPR) With Potential Role in Biocontrol of Pests of Crops, in: Prasad, R., Gill, S.S., Tuteja, N. (Eds.), *Crop Improvement Through Microbial Biotechnology*. Elsevier, pp. 221–243. <https://doi.org/10.1016/B978-0-444-63987-5.00010-4>
- [3] Chevalier S, Bouffartigues E, Bodilis J, Maillot O, Lesouhaitier O, Feuilloley MGJ, Orange N, Dufour A, Cornelis P. Structure, function and regulation of *Pseudomonas aeruginosa* porins. *FEMS Microbiol Rev.* 2017 Sep 1;41(5):698-722. doi: 10.1093/femsre/fux020. PMID: 28981745.
- [4] Bodilis Josselin, Raphaël Calbrix, Josette Guérillon, et al. 2004. « Phylogenetic Relationships Between Environmental and Clinical Isolates of *Pseudomonas Fluorescens* and Related Species Deduced from 16S rRNA Gene and OprF Protein Sequences ». *Systematic and Applied Microbiology* 27 (1): 93-108. <https://doi.org/10.1078/0723-2020-00253>
- [5] Bodilis Josselin, Hedde M, Orange N, Barry S. 2006. « OprF polymorphism as a marker of ecological niche in *Pseudomonas* ». *Environmental Microbiology* 8: 1544-1551. <https://doi:10.1111/j.1462-2920.2006.01045.x>

L'US EMerode, services, développement et applications

Didier GOUX, Fanny LEROY, Nicolas ELIE, Benoit BERNAY, Caroline TROUVERIE, Bertrand LEROY,
Sabine LEROY et Francis ORVAIN

UNICAEN | Université Caen Normandie - UFR des Sciences US EMerode
Esplanade de la Paix, Campus 1, Bâtiment M sous-sol
CS14032- 14032 CAEN cedex 5 France-contact.emerode@unicaen.fr

Résumé (Abstract):

L'US EMerode est une Unité de Service de l'université de Caen Normandie (UNICAEN) qui regroupe 6 plateformes et Centre de ressource dédiés à la recherche.

Au cœur de la recherche normande, EMERODE fédère des équipements de pointe et des compétences d'exception pour accompagner les défis scientifiques et technologiques de demain.

Ouverte sur le monde, EMERODE est un levier essentiel pour la communauté scientifique en Agroécologie, Géosciences, Géographie, Microbiologie, Biodiversité, Biologie systémique, Chimie, Neurosciences, Cancérologie et en Santé qu'elle soit locale, nationale ou internationale.

Six laboratoires fondateurs (ABTE, CBSA, CEEC, EVA, IDEES et MERSEA) contribuent au pilotage et au fonctionnement de cette Unité de Service qui s'adresse à toute la communauté scientifique locale et régionale, notamment aux 16 unités de recherche rattachées à trois Structures Fédératrices majeures : Normandie Végétal, Mer et Littoral et Sécurité sanitaire des aliments durables.

Development and validation of models to identify innovative bioactive compounds for combating crop diseases

Florian GENDREAU^{1,2}, Adrien GAUTHIER¹, Aude BERNARDON-MERY², Sameh SELIM³,
Isabelle TRINSOUTROT-GATTIN¹

¹ UniLaSalle, SFR NORVEGE FED 4277, AGHYLE, Rouen ZP 2018.C101, 3 Rue du Tronquet, Mont-Saint-Aignan 76130, France.

² Biom InnoV, Parc Atalante, 7 allée Métis, Odyssée B, Saint-Malo 35400, France.

³ AGHYLE, College of Agricultural Sciences, Institut Polytechnique UniLaSalle, Beauvais 60000, France.

Résumé (Abstract):

Against the backdrop of an agroecological transition aimed at reducing the use of chemical inputs, the search for sustainable alternative solutions is a major challenge. The development of new bioactive compounds, whether of natural origin or derived from innovative formulations, appears to be a promising avenue for controlling crop diseases whilst preserving agricultural ecosystems [1].

However, identifying them remains complex due to the diversity of compounds and the interactions between plants and microorganisms. This thesis therefore aims to develop robust experimental models, ranging from in vitro approaches to plant trials, in order to accelerate the selection of the most effective bioactives.

These models will enable the implementation of high-throughput screening based on quantitative microbiology tools, notably microplate laser nephelometry, to monitor microbial growth in an automated manner [2]. The objective is to rapidly evaluate a large number of compounds and identify those with the highest efficacy.

Beyond their direct effects, this research will seek to gain a better understanding of the mechanisms of action of bioactive compounds, focusing in particular on their ability to modulate plant defence responses. Particular attention will also be paid to their interactions with associated microbial communities, in order to assess their overall impact on the balance of the microbiota. This integrated approach will thus enable a better characterisation of the compounds' efficacy, not only in terms of inhibition, but also by considering their broader effects on the plant-microorganism system.

Finally, the most promising candidates will be tested under conditions more closely resembling real-world scenarios, first on individual leaves and then on whole plants, in order to confirm their potential for practical application.

This thesis therefore aims to propose innovative tools to accelerate the development of biocontrol solutions, with a view to promoting more sustainable agriculture [3].

Remerciements (Acknowledgements):

Ce travail a bénéficié du soutien financier de l'ANRT dans le cadre d'une thèse CIFRE. Ce travail a été réalisé au sein de la plateforme IBiSA AgroBioTech.

Références (References):

[1] Penaud, Valentin, Abdelrahman Alahmad, Mout De Vrieze, et al. 2025. « In Vitro Biocontrol Potential of Plant Extract-Based Formulation against Infection Structures of Phytophthora Infestans along with Lower Non-Target Effects ». *Frontiers in Microbiology* 16 (avril): 1569281. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2025.1569281>

[2] Joubert, Aymeric, Benoît Calmes, Romain Berruyer, et al. 2010. « Laser Nephelometry Applied in an Automated Microplate System to Study Filamentous Fungus Growth ». *BioTechniques* 48 (5): 399 - 404. <https://doi.org/10.2144/000113399>

[3] Rezaee Danesh, Younes, Nurhan Keskin, Solmaz Najafi, Harlene Hatterman-Valenti, et Ozkan Kaya. 2026. « Next-Generation Biopesticides for the Control of Fungal Plant Pathogens ». *Plants* 15 (2): 312. <https://doi.org/10.3390/plants15020312>

Understanding the regulation and quality control of protein *N*-glycosylation in *Chlamydomonas reinhardtii*

Nolwenn Guedes¹, Jules Delasalle^{1,2}, Carole Plasson¹, Gaëlle Durambur¹, Olivier Perruchon¹, Benjamin Bourgeois³, H  l  ne Dauchel^{3,4}, Catherine Navarre², Muriel Bardor¹ and Narimane Mati-Baouche¹

¹ Universit   de Rouen Normandie, GlycoMEV UR 4358, SFR Normandie V  g  tal FED 4277, Innovation Chimie Carnot, IRIB, GDR CNRS Chemobiologie F-76000 Rouen, France

² Louvain Institute of Biomolecular Science and Technology, UCLouvain, Croix du Sud 4-L7.07.14, 1348 Louvain-la-Neuve, Belgium³ Universit   de Rouen Normandie,, INSERM, CNRS, HeRacLeS US 51 UAR 2026, F-76000 Rouen, France

⁴ Universit   de Rouen Normandie, LITIS EA 4108, F-76000, Rouen, France

R  sum   (Abstract):

The protein *N*-glycosylation pathway is one of the most important co- and post-translational modification of proteins in eukaryotes¹. Glycoproteins are first produced in the endoplasmic reticulum (ER) where molecular actors are responsible for the proper folding and 3D conformation of proteins before their transfer into the Golgi apparatus². The growing interest of using *C. reinhardtii* as an emerging cell biofactory for the industrial production of recombinant glycoproteins requires overall an in-depth understanding and analysis of protein *N*-glycosylation in this organism. Despite a relatively well-investigated *N*-glycosylation pathway in *C. reinhardtii*³, many glyco-enzymes and lectins involved in the *N*-glycosylation pathway in the ER remain uncharacterized. This study aims to elucidate the regulatory mechanisms of *N*-glycosylation in the ER of *C. reinhardtii*, with a particular focus on protein quality control (QC). To do so, we are combining functional genetics of key molecular actors (e.g., enzymes, lectins) and multi-omics approaches (transcriptomics, proteomics, glycomics) to unravel the regulation of protein *N*-glycosylation in microalgae. Specifically, we will: (i) define the functional roles of ER molecular actors, such as ER-lectins calnexin and calreticulin, which are not yet functionally characterized in microalgae, using mutant approach strategy (ii) understand the interplay/regulation between the truncated glycan precursor (Glc₃Man₅GlcNAc₂), its monoglucosylated intermediates, and ER-resident lectins, which orchestrate protein folding and QC. This will be achieved through integrated approaches allowing identifying and mapping regulatory cellular pathways including the *N*-glycosylation. These results will provide insights 1- into the physiological role of protein *N*-glycosylation in microalgae and 2- into the molecular processes ensuring accurate protein folding, a critical step toward optimizing microalgae as efficient platforms for biopharmaceutical production.

Remerciements (Acknowledgements):

This project is financially supported by the M  tropole Rouen Normandie. The authors thank the NGS ASGAR platform for the valuable support and assistance.

R  f  rences (References):

- [1] Toustou, C., Walet-Balieu, M., Kiefer-Meyer, M., Houdou, M., Lerouge, P., Foulquier, F., and Bardor, M. (2022) Towards understanding the extensive diversity of protein *N*-glycan structures in eukaryotes. *Biological Reviews*. **97**, 732–74.
- [2] Aebi, M. (2013) N-linked protein glycosylation in the ER. *Biochim Biophys Acta*. **1833**, 2430–2437.
- [3] Mathieu-Rivet E, Mati-Baouche N, Walet-Balieu ML, Lerouge P, Bardor M. (2020) N- and O-Glycosylation Pathways in the Microalgae Polyphyletic Group. *Frontiers in Plant Science*. **11**,609993.

Analyse et modélisation de l'établissement de légumineuses à graines de printemps en semis précoce

A. Lamboley¹, S. Brunel-Muguet¹, N. Ait-Kaci-Ahmed², P. Maury², J.-R. Lamichhane² & J.-C. Avice¹

¹Normandie Université, UMR 950 EVA, Caen, France.

²Université Fédérale de Toulouse, UMR 1248 AGIR, Castanet-Tolosan, France.

Résumé :

Les légumineuses possèdent plusieurs atouts agronomiques (fixation symbiotique de l'azote atmosphérique, enrichissement des sols en azote) qui satisfont des critères d'une production durable (limitation des intrants azotés, diversification des rotations de cultures). Les légumineuses à graines (LAG) sont des cultures de rente dont la richesse en protéines de leurs graines constitue une ressource essentielle pour l'alimentation animale et humaine et participe à l'autonomie protéique des systèmes alimentaires. L'implantation des LAG dépend principalement de la température et de l'humidité du sol, deux facteurs qui régulent les processus de germination et d'émergence [1], et ainsi la succession des stades phénologiques. Renforcées par le réchauffement climatique, les sécheresses en été peuvent provoquer l'avortement des graines de LAG au moment de la floraison. Pour y remédier, les LAG sont semées plus tôt dans l'année et, par conséquent, elles font face à des conditions pénalisantes d'implantation, notamment le froid. Ainsi, le défi majeur est de pouvoir adapter la culture des LAG en France pour limiter les conditions pénalisantes à leur implantation.

Le projet AMESING, co-conduit par l'UMR EVA et l'UMR AGIR, vise à caractériser la réponse de la germination à la température pour plusieurs espèces (féverole, lentille, lupin, pois et pois-chiche), variétés et lots de production de LAG de printemps. Durant ce stage, des températures froides (1, 5°C et 10°C) sont privilégiées pour les expériences de germination afin de déterminer précisément la température de base des graines [2]. Ce paramètre biologique, comme la température optimale et maximale de germination, reflète la capacité germinative des graines selon la température. Ce paramètre est également utilisé pour calibrer le modèle SIMPLE (*SIMulation of Plant Emergence*), qui prédit la germination et la levée des cultures en fonction des caractéristiques du milieu [3]. Le modèle spécifiquement calibré sur ces espèces de LAG sera par la suite utilisé pour déterminer l'itinéraire cultural le plus adapté à leur implantation. Des analyses complémentaires sur les réserves de la graine (azote, acides gras) et sur les données climatiques pendant le cycle de production seront réalisées pour interpréter les différences observées sur la réponse de la germination à la température entre espèces, variétés et lots de LAG caractérisées.

Remerciements :

Ce travail a été réalisé avec l'aide technique de M. Bodereau, J. Pichon et V. Signoret (UMR EVA). Nous remercions B. Quinquy et D. Bourgeois (UMR AGIR) pour la mise à disposition des lots de graines et des données associées ; et enfin L. Van Dyk et S. Marie du laboratoire ABTE (Université Caen Normandie) pour le prêt de matériel d'incubation. Ce travail a été soutenu par l'Agence Nationale de la Recherche (ANR 23-PLÉG-000).

Références :

[1] Bouvet L. (2025). « Comprendre et prévoir la phénologie des légumineuses à graines pour guider leur insertion dans de nouveaux environnements climatiques », Rapport de stage de Projet de Fin d'Étude. INRAe – UMR AGIR, Toulouse.

[2] <https://doi.org/10.1016/j.agrformet.2026.111150>

[3] <https://doi.org/10.2136/sssaj2001.652414x>

Volatile compounds : antimicrobial compounds and bacterial communication signals

Annabelle MERIEAU¹, Charly Alex DUPONT², Nathan JORDIER¹, Héloïse BIZIERE-MACO¹, Xavier LATOUR¹ & Corinne BARBEY¹

¹ Normandie Université, SFR Normandie Végétal, Université de Rouen, UR 4312 CBSA Communication Bactérienne et Stratégies Anti-infectieuses, 55, Rue Saint Germain 27000 Evreux.

² Laboratoire Interdisciplinaire des Environnements Continentaux, LIEC UMR7360, Université de Lorraine, CNRS, 54000 Nancy.

Résumé (Abstract):

Bacteria exchange chemical signals to communicate with each other. These signals are used to coordinate gene expression and collective behaviours, including those involved in virulence, at a community level. Consequently, understanding bacterial communication is of the greatest interest for the development of new strategies to control bacterial populations and preventing infections. The *Pseudomonas fluorescens* MFE01 strain inhibits some human and plant pathogens via the emission of volatile compounds (VCs) or its type 6 secretion system (T6SS) (1, 2, 3). MFE01 is indeed characterized by its high emission level of 1-undecene and by an offensive and hyperactive T6SS.

VCs are small gaseous molecules (MW <500 Da) under environmental conditions due to their low boiling point and high vapor pressure. VCs are notably described to be involved in interactions between bacteria, plants, and fungi. By investigating the cellular mechanism regulating the production of these weapons, we identified the two-component system GacS/GacA (4). Indeed, GacS cellular membrane sensor plays a crucial role in regulating T6SS activity and VC emission. Among the latter, 1-undecene and hydrogen cyanide are strong aerial inhibitors of the *Legionella* human pathogen and the *Phytophthora infestans* major plant pest, respectively. Volatiles that function as autoinducers seem to provide information on spatial confinement and population context, and may require sensors with lower sensitivity. Our works support the view that volatile-mediated signalling represents a distinct mode of bacterial communication completing classical communication pathways and propose suitable methodology to decipher it (5)

Remerciements (Acknowledgements):

We thank Julien Verdon (Ecologie et Biologie des Interactions, Poitiers) and Eric Cascales (LISM, Marseille) for insightful discussions.

Références (References):

- [1] Decoin V., Barbey C., Bergeau D., Latour X., Feuilloley M. G., Orange N., Merieau A. (2014). « A type VI secretion system is involved in *Pseudomonas fluorescens* bacterial competition », PLOS ONE, vol. 9, n° 2, e89411. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0089411>
- [2] Gallique M., Bouteiller M., Merieau A. (2017). « The Type VI Secretion System: A Dynamic System for Bacterial Communication? », Frontiers in Microbiology, vol. 8, article 1454. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.01454>
- [3] Dupont C.A., Bourigault Y., Osmond T., Barbey C., Konto-Ghiorghi Y., Berjeaud J.-M., Latour X., Verdon J. and Merieau A. (2023) « *Pseudomonas fluorescens* MFE01 uses 1-undecene as aerial communication molecule ». Frontiers in Microbiology. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1264801>
- [4] Dupont C. A., Bourigault Y., Biziere-Maco H., Boukerb A. M., Latour X., Barbey C., Verdon J., Merieau A. (2025). « The GacS/GacA two-component system strongly regulates antimicrobial competition mechanisms of *Pseudomonas fluorescens* MFE01 strain », Journal of Bacteriology, vol. 207, n° 2, e00388-24. <https://doi.org/10.1128/jb.00388-24>
- [5] Dupont C.A., Jordier N., Bizière-Maco H., Barbey C., Latour X., Merieau A. (2026). « Volatile compounds as bacterial communication signals: State of art, limitations and future perspectives ». Microbiol Res.307:128478. <https://doi.org/110.1016/j.micres.2026.128478>

Mieux comprendre les interactions protéines de remodelage/polysaccharides de la paroi végétale par une approche de microscopie corrélative.

Jules Noury¹, Gaëlle Durambur¹, Jean-Claude Mollet¹, Elodie Rivet¹, Arnaud Lehner¹, Marc Ropitiaux^{1,2}

¹ Université de Rouen Normandie, GlycoMEV UR 4358, SFR Normandie Végétal FED 4277, Innovation Chimie Carnot, IRIB, GDR CNRS Chemobiologie F-76000 Rouen, France.

² HeRaLeS (High-tech Research infrastructures for Life Sciences) CNRS UAR 2026, INSERM US 51, PRIMACEN, Univ Rouen Normandie, IBISA, IRIB, France-BioImaging, F-76000 Rouen, France.

Résumé :

La croissance des cellules végétales est contrôlée par l'équilibre entre la pression de turgescence et les propriétés mécaniques de la paroi cellulaire, en particulier l'extensibilité [1]. Sa régulation requiert à la fois un contrôle précis de la biosynthèse des polymères pariétaux ainsi qu'un remodelage constant après le dépôt de ces polymères [1]. Ce processus est particulièrement important chez les cellules à croissance polarisée où l'anisotropie impose une modulation fine entre rigidité et plasticité des différentes régions de la paroi cellulaire. Ainsi, la région apicale doit conserver une grande plasticité pour permettre l'expansion cellulaire par la pression de turgescence, tandis que les régions subapicales et latérales doivent être rigides afin de préserver la morphologie cellulaire et assurer l'intégrité structurale [2]. Les Homogalacturonanes (HG), une sous-classe des polysaccharides pectiques de la paroi cellulaire sont connus pour jouer un rôle majeur dans la régulation de l'extensibilité de la paroi cellulaire au travers de leur degré de méthylestérification [3]. Par l'action antagoniste des enzymes pectine méthylesterase (PMEs) et de leurs inhibiteurs (PMEis), le retrait des groupements méthylester des HG permet de lier plusieurs chaînes d'HG avec des ions calcium, conduisant à la formation de réseaux réticulés rigidifiant la paroi [3].

Ce projet de thèse vise à caractériser les mécanismes régissant les interactions entre les HG, les PME et les PMEis. Le modèle utilisé dans ce projet est la mousse *Physcomitrium (Physcomitrella) patens* qui présente de nombreux avantages, comme une croissance polarisée de ses protonemata, des organes se développant en une seule couche cellulaire ainsi qu'une faible redondance des gènes codant pour les PME et les PMEis en comparaison au modèle classique d'*Arabidopsis thaliana*.

Durant ce projet, une approche de microscopie corrélative sera développée. Des lignées génétiquement transformées pour exprimer des PME et PMEis fusionnées à des protéines fluorescentes seront analysées par microscopie confocale afin d'étudier leur colocalisation et leurs potentielles interactions. Elles seront complétées par de la microscopie électronique à transmission permettant de déterminer leur localisation subcellulaire précise au sein du système de sécrétion. L'ensemble de ces analyses permettra de mieux comprendre les mécanismes de remodelage de la paroi cellulaire végétale et les interactions entre ces polymères pectiques et les enzymes de remodelage.

Remerciements :

Ce projet de thèse est financé par le projet ANR REMEDY impliquant en plus de l'URN GlycoMEV, les laboratoires UPJV BioEcoAgro&CRRBM d'Amiens et AS IMPB de Taïwan, représentés respectivement par la Dr. LEFEBVRE Valérie et le Dr. TEH Ooi Kock.

Références :

[1] Peaucelle, A., Braybrook, S., & Höfte, H. (2012). Cell wall mechanics and growth control in plants: the role of pectins revisited. *Frontiers in plant science*, 3, 121.

[2] Wolf, S., Mouille, G., & Pelloux, J. (2009). Homogalacturonan methyl-esterification and plant development. *Molecular plant*, 2(5), 851-860.

[3] Bosch, M., & Hepler, P. K. (2005). Pectin methyl-esterases and pectin dynamics in pollen tubes. *The Plant Cell*, 17(12), 3219-3226.

Rôle du microbiote du sol dans la performance et la durabilité des systèmes de culture

Wassila Riah¹, Mélanie Bressan¹, Jérôme Dantan¹, Karine Laval¹ & Isabelle Gattin¹

¹ UniLaSalle, Campus Rouen- Unité de recherche AGHYLE UP 2018 C.101- SFR Normandie Végétal FED4277, 3 rue du Tronquet, 76130 Mont Saint Aignan, France.

Résumé (Abstract):

La transition agroécologique implique une réduction significative de l'usage des intrants chimiques tout en maintenant la performance et la stabilité des systèmes de culture. Dans ce contexte, le microbiote du sol constitue un levier central pour assurer la multifonctionnalité des sols agricoles, en contribuant à la productivité primaire, à la régulation des cycles biogéochimiques du carbone, de l'azote et du phosphore, à la séquestration du carbone, à la qualité de l'eau et au maintien de la biodiversité [1]. Comprendre les mécanismes par lesquels les pratiques agricoles et la diversification des cultures influencent les communautés microbiennes du sol et leurs fonctions apparaît ainsi essentiel pour accompagner les systèmes en transition. Les travaux qui seront présentés s'appuient sur un ensemble de dispositifs expérimentaux complémentaires (parcelles agricoles, microparcelles et essais contrôlés) visant à analyser l'impact des successions culturales et des pratiques de gestion sur la structure, la diversité et les activités des microorganismes du sol. Les résultats montrent que les successions culturales, et en particulier l'introduction de légumineuses, modifient significativement la composition des communautés bactériennes et fongiques et stimulent les activités enzymatiques impliquées dans les cycles du carbone et de l'azote. Aussi, la qualité biochimique des résidus de culture apparaît comme un déterminant majeur du recrutement microbien et de la dynamique de minéralisation des nutriments dans les sols [2]. Par ailleurs, la rhizodéposition joue un rôle clé dans l'assemblage des communautés microbiennes de la rhizosphère. Les effets observés dépendent fortement de l'espèce végétale, de ses traits fonctionnels et de son stade de développement, soulignant l'importance des choix de cultures et de rotations dans le pilotage biologique des sols. Enfin, des relations positives sont mises en évidence entre plusieurs indicateurs biologiques du sol (activités enzymatiques, taux de mycorhization, abondance de groupes fonctionnels) et les performances agronomiques, notamment les rendements.

Ces résultats ouvrent des perspectives pour le développement d'outils d'aide à la décision basés sur le diagnostic biologique des sols, permettant de suivre l'état fonctionnel des microbiotes et d'orienter les pratiques agricoles. L'intégration d'indicateurs biologiques dans des démarches de diagnostic et de conseil apparaît ainsi comme un levier prometteur pour accompagner la transition agroécologique vers des systèmes de culture plus durables et résilients.

Remerciements (Acknowledgements):

Les auteurs remercient les multiples financeurs ayant contribué à ces travaux : la Région Normandie, France AgriMer (CASDAR), Agence National de recherche et la SFR Normandie Végétal FED4277 pour son soutien.

Références (References):

[1] Isabelle Cousin (coord.), Maylis Desrousseaux (coord.), Sophie Leenhardt (coord.) et al (2024). Préserver la qualité des sols : vers un référentiel d'indicateurs. Synthèse du rapport d'étude, INRAE (France).

[2] Rezgui, C., Trinsoutrot-Gattin, I., Benoit, M., Laval, K., & Riah Anglet, W. (2021). Linking changes in the soil microbial community to C and N dynamics during crop residue decomposition. *Journal of Integrative Agriculture*, 20(11), 3

Induction of the 'priming' effect to abiotic stress by sub-fractions of a seaweed extract-based biostimulant in tomato

Emma Upton^{1,2}, Marine Dehail², Frédéric Delmas¹, Nathalie Gonzalez¹, Franck Hennequart², Michel Hernould¹

¹ Université de Bordeaux, INRAE, UMR1332 Biologie du Fruit et Pathologie, F-33140 Villenave d'Ornon, France.

² Algaia, 91, rue Edouard Branly, F-50000 Saint-Lô, France.

Résumé (Abstract):

The market for biosolutions, including products known as biocontrol agents and biostimulants, is booming. However, due to the complexity of their active substances and specific modes of action, demonstrating the effectiveness of biostimulants can be challenging.

This controversy surrounding the efficacy of plant stimulation products largely stems from the fact that some biostimulants exhibit variable effectiveness, strongly influenced by environmental, physiological and genetic factors, particularly under abiotic stress conditions. This variability is accentuated in seaweed extract-based biostimulants, whose biochemical composition can vary considerably depending on algal species and seasonal harvesting conditions, underscoring the importance of identifying the individual roles of specific bioactive compounds. In our plant model, tomato, we observed that certain biostimulants are only active when the plants are exposed to abiotic stresses, such as heat or water deficit. Conversely, under optimal growth conditions, these biostimulants appear to have no observable or negative effects.

A global gene expression analysis conducted on plants grown under optimal conditions but treated with a specific biostimulant revealed the activation of genes typically associated with plant responses to abiotic stress even in the absence of stress. This phenomenon, known as the priming effect, is increasingly integrated into agricultural practices aimed at enhancing plant resilience to abiotic stressors. However, the activation of defence mechanisms in absence of any stressor is energy-demanding and may delay or impair the plant's normal development resulting in negative effects.

The objective of our project is to better understand the establishment of this priming effect induced by a seaweed extract-based biostimulant during the germination stage of the tomato plant and its consequence(s) on plant development and yield. Our methodology focuses on correlating the composition of subfractions derived from the seaweed extract with the resulting priming effects observed in tomato plants.

The priming effect will be assessed by evaluating the plant's tolerance to abiotic stress in the form of elevated ambient temperature. Our previous results have shown that only certain subfractions induce a priming effect that enables young tomato seedlings to sustain growth under heat stress conditions.

The characterisation of the molecular mechanisms underlying this priming effect is currently underway through a PhD project starting in January 2026.

This presentation will outline both previous results and the research plan for the PhD project.

Key words: Biostimulant - Seaweed - Sub-fractions - Priming Effects - Abiotic Stress - Tomato

La qualité des résidus, les taux d'apport et la teneur initiale en carbone organique du sol régulent conjointement la stabilisation de la matière organique dans les sols agricoles

Anouk LYVER^{1,2}, Jean-Bernard CLIQUET², Isabelle TRINSOUTROT-GATTIN¹, Steffen SCHWEIZER, Carmen HOESCHEN and Murilo VELOSO¹

¹ UniLaSalle, SFR NORVEGE FED 4277, AGHYLE UP 2018.C101, 76130 Mont Saint Aignan, France.

² Normandie Université, SFR NORVEGE FED 4277, UNICAEN, INRAE, UMR 950 Ecophysiologie Végétale, Agronomie et nutriments N, C, S, Esplanade de la Paix, CS14032, 14032 Caen Cedex 5, France.

Résumé (Abstract):

L'épandage de résidus végétaux constitue une stratégie efficace pour accroître l'accumulation de matière organique du sol (MOS), favoriser la fertilité du sol et réduire les émissions de CO₂. Cependant, les caractéristiques du sol peuvent également influencer l'effet des résidus végétaux sur la stabilisation du carbone et de l'azote dans les sols. Cette étude examine comment des résidus végétaux de composition et de taux d'apport variés contribuent à la stabilisation supplémentaire de la MOS dans des sols présentant un potentiel de stabilisation du carbone variable. Des sols présentant une teneur en argile croissante (17 % > 19 % > 25 %) et une teneur initiale en matière organique du sol (MOS) décroissante (29 g kg⁻¹ > 20,3 g kg⁻¹ > 18,6 g kg⁻¹) ont été amendés avec des résidus marqués au 13C-15N provenant de trois espèces végétales – blé, trèfle cramoisi et pois – sélectionnées pour leur composition chimique différente. Les résidus marqués ont été appliqués au sol à différents taux d'apport (1, 2 et 6 Mg C ha⁻¹). Le pH des trois sols évalués était de 8,1, 8,0 et 7,2 pour les sols contenant respectivement 25 %, 19 % et 17 % d'argile. Après 2 et 12 mois, nous avons évalué le C et le N d'origine résiduelle dans l'ensemble du sol ainsi que leur répartition entre les fractions de matière organique particulaire (POM) et associée aux minéraux (MAOM – limon fin + argile). Le taux d'apport de résidus a été un facteur déterminant de la dynamique du C (85 % en moyenne) et du N (90 % en moyenne) d'origine résiduelle. Les espèces de résidus ont influencé les voies de stabilisation en raison de leur composition chimique contrastée. Les résidus de légumineuses labiles, en particulier ceux de trèfle cramoisi, ont été préférentiellement incorporés dans la fraction MAOM, tandis que les résidus de blé récalcitrants ont favorisé l'incorporation dans la fraction POM et une contribution à la fraction MAOM après 12 mois. On a observé un potentiel de stabilisation plus faible pour les sols contenant 25 % d'argile par rapport à ceux contenant 17 % et 19 % d'argile, ce qui est directement lié à la différence de teneur initiale en matière organique du sol (MOS). Cependant, aucun plateau de saturation n'a été atteint à 6 Mg C ha⁻¹, ce qui a été corroboré par une analyse à micro-échelle révélant que la matière organique s'accumule par plaques et que moins de 8 % de la surface des particules minérales était occupée par la MO. Cette étude souligne que la gestion des résidus peut être utilisée de manière stratégique pour favoriser les voies de stabilisation du COS.

Effets intergénérationnels d'un thermoprimer sur la morphologie et l'exsudation racinaire chez le colza d'hiver : Un levier contre la hernie des crucifères ?

Amy-Melody Volny-Anne¹, Sophie Brunel-Muguet¹, Quentin Dupas¹, Mélanie Jubault² & Emmanuelle Personeni¹

¹ Normandie Université, UNICAEN, INRAE, UMR 950 Ecophysiologie Végétale, Agronomie et Nutritions, N, C, S, Esplanade de La Paix, CS14032, Cedex 5, 14032, Caen, France.

² AGROCAMPUS OUEST, UMR 1349 Institut de Génétique pour l'Environnement et la Protection des Plantes, F-35000 Rennes, France.

Résumé (Abstract):

Le changement climatique augmente les événements extrêmes qui fragilisent les systèmes agricoles en affectant leur rendement et favorise les maladies [1] ; [2]. C'est le cas de la hernie des crucifères, maladie racinaire majeure lors de l'implantation chez le colza, causée par *P. brassicae* et favorisée par des conditions douces et pluvieuses en début de cycle. La susceptibilité du colza au pathogène est également dépendante des interactions avec les communautés microbiennes du sol, elles-mêmes modulées par la composition des exsudats racinaires [3].

La réponse des plantes à ces stress multiples et séquentiels résulte d'interactions entre ces stress qui peuvent refléter des effets mémoire. Ces effets mémoire peuvent avoir un effet sensibilisant par un phénomène d'amorçage (priming), [4], qui permet à la plante d'acquérir une tolérance à un stress ultérieur [5]. Ces effets peuvent s'observer entre générations de plantes (effets intergénérationnels) et pour des stress de différentes natures (cross ou trans-priming), [6]. Les mécanismes qui en sont à l'origine impliquent des facteurs non génétiques et transmissibles qui s'expriment dans la descendance en conditions de stress [7].

Dans le projet KORRIGAN (K(C)ross stress priming intergenerational), les objectifs sont d'évaluer (i) les effets intergénérationnels du stress thermique sur les traits racinaires (morphologie, exsudats) et (ii) la contribution de ces effets sur la réponse à la hernie des crucifères. Deux expérimentations ont été conduites en conditions (semi)-contrôlées à partir de graines issues de plantes mère stressées : (i) la première avec des plantules inoculées avec *P. brassicae* (1 modalité thermique, 2 géotypes) et (ii) la seconde avec des plantules non inoculées (3 modalités thermiques, 4 géotypes). Les premiers résultats indiquent que les effets mémoire n'affecteraient pas la composition des exsudats mais plutôt l'architecture racinaire. La perspective de ce travail est de pouvoir proposer de nouveaux leviers pour davantage contrôler la susceptibilité à la hernie des crucifères en explorant les effets de l'environnement maternel.

Remerciements (Acknowledgements):

Les auteurs souhaitent remercier Magali Bodereau, Josiane Pichon, et Véronique Signoret de l'UMR 950 EVA ainsi que Christine Lariagon et Benoît Noël de l'UMR 1349 IGEPP pour leur aide dans la culture des plantes et la récolte des échantillons. Enfin, ce travail est environné par le projet KORRIGAN financé par le métaprogramme CLIMAE d'INRAE.

Références (References):

- [1] IPCC, 2023 ; <https://doi.org/10.59327/IPCC/AR6-9789291691647>
- [2] Lahlali et al., 2024 ; <https://doi.org/10.1016/j.crope.2024.05.003>
- [3] Bolan et al., 2025 ; <https://doi.org/10.1080/07352689.2025.2549655>
- [4] Lämke et Bäurle, 2017 ; <https://doi.org/10.1186/s13059-017-1263-6>
- [5] Hilker M. et Schmölling T., 2019 ; <https://doi.org/10.1111/pce.13526>
- [6] Llorens et al., 2020 ; <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-817892-8.00001-5>
- [7] Pasquali Medici De Biron et al., 2026 ; <https://doi.org/10.1111/ppl.70718>

Posters étudiants L2 SV-SVT

1- La Centella : entre industrie et enjeux climatiques.

Nadjma TEMAGOULT et Sarah ZERRI

nadjma.temagoult@univ-rouen.fr

sarah.zerri@univ-rouen.fr

2- Le matcha : du rituel ancestral à la pénurie mondiale.

Kawtar ROUBA, Mariam DAKHIL et Feriel RAHMANI

kawtar.rouba@univ-rouen.fr

3- L'IA, l'aridité et la croissance des plantes aux USA.

Emma BOUAOUICHE et Annaëlle DEVALEE

emma.bouaouiche@univ-rouen.fr

4- La disparition des bananes.

Alice BAILLE, Maxime MORIN et Simon AUZIAS

alice.baille@univ-rouen.fr

maxime.morin20@univ-rouen.fr

5- L'effet du chitosane sur la lutte contre la pourriture grise chez la tomate.

Margaux TREMEUR et Yasmine OLBRDAD

margaux.tremeur@univ-rouen.fr

yasmine.olbrdad@univ-rouen.fr

