



Colloque GRAINES 2025

Nantes

du 12 au 14 novembre
2025

10^{ème} colloque du réseau francophone de biologie des graines

Résumés



<https://graines2025.colloque.inrae.fr/>



Conférenciers invités



Conférence d'introduction

Christian Huyghe

Chargé de mission auprès de la Direction Scientifique Agriculture INRAE

Recruté à l'INRA de Lusignan en 1987, il y a conduit des travaux sur l'amélioration génétique des plantes jusqu'en 2003. Il fut également Président du centre INRA Poitou-Charentes. Il a occupé différentes fonctions de pilotage scientifique à INRAE dont celle de Directeur Scientifique Agriculture jusqu'en 2024, et notamment du Comité technique permanent de la sélection (CTPS).

« Les limites planétaires pour penser les graines de demain »

Session Environnement abiotique et impacts sur les graines

Sophie Brunel-Muguet

UMR INRAE-UNICAEN EVA, Université de Caen Normandie Esplanade de la Paix CS 14032 Caen, France

S. Brunel-Muguet est chercheuse à l'unité EVA de Caen. Ses recherches sont à l'interface de l'écophysiologie et de l'agronomie. Elle s'intéresse en particulier aux effets des contraintes abiotiques nutritionnelles (soufre et azote) et climatiques (stress thermiques récurrents) sur la croissance, le rendement et la qualité des graines oléoprotéagineuses afin d'identifier des leviers d'adaptation

« L'environnement maternel en héritage : préparer les graines aux défis climatiques

Cas d'étude chez le colza d'hiver exposé aux vagues de chaleur »

Les plantes ont la capacité de percevoir les contraintes environnementales survenant au cours de leur cycle de vie, de mémoriser leurs empreintes, et éventuellement, de s'acclimater et de transmettre cette expérience à leur descendance. Cette acclimatation repose sur un ensemble de processus sensibilisants qui vont préparer la plante et/ou sa descendance à des stress ultérieurs. Dans un contexte d'intensification du changement climatique, cette mémoire de l'environnement s'avère être un levier d'acclimatation à des conditions fluctuantes et récurrentes.

Néanmoins, l'exploration de ce levier pour la production de graines soulève plusieurs questions : Quelles conditions environnementales maternelles - en termes d'intensité, durée, fréquence des stress climatiques survenant sur les plantes mères- induisent des effets mémoire sensibilisants, c'est-à-dire, préparant leur descendance à d'éventuels stress notamment lors des phases d'implantation ? Quels sont les facteurs de régulations non génétiques et transmissibles impliqués dans ces effets ?

Cette présentation s'appuie sur différentes études pour illustrer les effets de contraintes climatiques perçues par les plantes à graines sur leur descendance en s'attachant à décrire les facteurs de régulations hérités des plantes mères à leurs graines, qu'ils mobilisent des processus internes (e.g. modifications épigénétiques) ou le phénotype étendu (e.g. microbiote des graines). En particulier, des travaux sur les effets de vagues de chaleur printanières chez le colza d'hiver sur la qualité grainière

(nutritionnelle, germinative) seront présentés avec les objectifs d'illustrer l'ampleur des effets de stress récurrents (vs. isolés) et de mieux comprendre le déterminisme environnemental (i.e. caractéristiques des profils climatiques sensibilisants) et les processus mis en jeu dans les réponses de mémoire.

À travers ces exemples, nous mettrons en lumière comment cette mémoire environnementale maternelle peut contribuer à des innovations majeures pour la production de semences adaptées au changement climatique.

Session Aspects fondamentaux de la biologie des graines

Benoit Landrein

Laboratoire de Reproduction et de Développement des Plantes (RDP), ENS de Lyon, 46 Allée d'Italie, 69364 Lyon, Cedex 7, France

B. Landrein est chercheur CNRS depuis 2018 au laboratoire de Reproduction et de Développement des Plantes (RDP) à l'ENS de Lyon où il mène des recherches sur le contrôle mécanique de la croissance des graines après une thèse à l'ENS Lyon sous la direction d'Olivier Hamant et un séjour postdoctoral au Sainsbury Laboratory de l'Université de Cambridge (UK) en collaboration avec Prof. Henrik Jönsson, Dr. James Locke et Prof. Elliot Meyerowitz.

« Contrôle mécanique de la croissance des graines »

La croissance des organes végétaux dépend d'interactions biophysiques entre différents tissus. Ces interactions génèrent des contraintes mécaniques qui peuvent être perçues par les cellules et influencer leur comportement. Toutefois, la manière dont les propriétés biophysiques et les réponses aux contraintes mécaniques des différentes cellules d'un organe affectent sa croissance, lui permettant ainsi d'acquérir une taille et une forme données, reste encore peu comprise. Dans cette présentation, je présenterai les travaux récents de notre équipe, réalisés sur la graine d'*Arabidopsis*, qui montrent, en combinant approches expérimentales et modélisation, que la croissance de cet organe dépend d'interactions biophysiques complexes entre deux compartiments distincts : l'albumen et les téguments. Je montrerai également comment les réponses mécanosensibles des téguments à la tension induite par l'albumen en expansion déterminent à la fois la taille et la forme de la graine. Enfin, je décrirai comment les cellules des téguments acquièrent, au cours de leur différenciation, des identités mécaniques spécifiques leur permettant de contrôler la croissance de la graine.

Session Ecologie et traits de vie des graines

Christophe Baltzinger

INRAE Unité de recherche Ecosystèmes Forestiers (EFNO), Nogent-sur-Vernisson, France

C. Baltzinger est chercheur en écologie forestière à l'Unité de Recherche Écosystèmes forestiers d'INRAE. Ses recherches portent sur les interactions entre les plantes et les vertébrés, notamment l'herbivorie, la zoochorie et l'ingénierie des écosystèmes. Il s'intéresse principalement à la manière dont les grands herbivores et omnivores façonnent la dynamique spatiale et temporelle des communautés végétales et le fonctionnement des écosystèmes. Il utilise diverses approches incluant le suivi des plantes *in natura*, la germination des graines dispersées en conditions contrôlées, le metabarcoding multi-taxons de l'ADN fécal, le suivi individuel du comportement animal, la grimpe d'arbres et la pose de pièges photographiques dans la canopée d'arbres en fruits pour observer les interactions liées à la dispersion des graines. Il anime le réseau Connect, qui traite des réseaux d'interactions oubliées comme la dispersion des graines par des vecteurs non frugivores. Il participe à GuyaCam, projet sur la dispersion des graines par des assemblages de vertébrés terrestres, arboricoles et volants dans les forêts tropicales, en fonction de l'anthropisation des milieux. Enfin, il pilote le projet Diaspore, qui vise à comprendre comment la vie en groupe affecte la dispersion des graines par les vertébrés.

« Les animaux dispersent-ils toutes les plantes ? »

Les animaux qui consomment les plantes ou rentrent en contact avec elles peuvent transporter et disperser leurs graines. On parle de zoochorie. En Europe, cela concerne plus de 400 espèces d'animaux vertébrés (oiseaux, mammifères, reptiles et poissons) et invertébrés (fourmis, coléoptères et gastéropodes). Nous explorerons la diversité des plantes dispersées et les spécificités de ces interactions biotiques. Finalement, nous nous demanderons si les caractéristiques des plantes permettent de prédire leurs vecteurs de dispersion.

Session Graines et environnements biotiques : pathogènes et microbiotes

Marie Simonin

INRAE, IRHS – Institut de Recherche en Horticulture et Semences, Angers, France

Marie Simonin est chercheuse INRAE en écologie microbienne à L'Institut de Recherche en Horticulture et Semences (IRHS, Angers). Elle s'intéresse en particulier au microbiote des plantes et sa transmission entre générations via les graines à travers une grande diversité d'espèces végétales. Via l'utilisation de microbiotes synthétiques, son équipe s'intéresse au rôle du microbiote des graines dans la germination, la levée et la résistance aux agents phytopathogènes lors de l'installation des cultures.

« Microbiote des graines : diversité, transmission et effets sur la santé des plantules »

Marie SIMONIN, Gontran ARNAULT, Louna COLAERT-SENTENAC, Coralie MARAIS, Anne PREVEAUX, Martial BRIAND, Muriel MARCHI, Natalia GUSCHINSKAYA, Alain SARNIGUET, Matthieu BARRET

Seed microbiota constitutes a primary inoculum for plants that is gaining attention owing to its role for plant health and productivity. In this study, first we performed a meta-analysis on 63 seed microbiota studies covering 50 plant species to synthesize knowledge on the diversity of this habitat. Seed microbiota presents a variable (i.e. flexible) microbial fraction but we also identified a stable (i.e. core) fraction composed of 30 bacterial and fungal taxa detected in seeds from all over the world. Core taxa such as *Pantoea agglomerans*, *Pseudomonas viridiflava*, *Cladosporium perangustum*, and *Alternaria sp.* are dominant seed taxa.

Next, we established a comprehensive strain collection of seed-borne microorganisms from major crops, yielding 2,510 bacterial and 1,325 fungal isolates. Notably, 10–21% of seed microbiota diversity detected by metabarcoding was recovered in culture, and most isolates matched the most prevalent and abundant taxa. However, 44–60% of cultured isolates were not detected by sequencing, highlighting the complementarity of culture-dependent and -independent approaches.

Finally, we used these microbial isolates in synthetic communities (SynComs) to investigate bacterial transmission from seeds to seeds of the next generation tracking their fate at different developmental stages (seedling, vegetative, flowering, pod-filling, and senescent stages) and in different plant compartments (rhizosphere, root, leaf, seed). The 3 SynComs tested had a higher colonization success in the leaves compared to roots and rhizospheres of seedlings. After the seedling stage, SynComs members were not frequently detected in plant compartments but had significant legacy effects in microbial community assembly of roots, leaves and seeds of the next generation.

Across several experiments, we identified that most seed-borne microorganisms (bacteria or fungi, 70% of strains tested) had positive effects on seedling development making them promising biostimulant solutions for crop installation. Moreover, some SynComs present interesting biocontrol capacities to limit seed damping-off by soil-borne pathogen *Globisporangium ultimum* (formerly *Pythium*).

In conclusion, seed microbiota have a transient colonization that can influence the overall plant microbiota assembly through priority effects and promote seedling establishment through biostimulation and biocontrol effects.

Session Qualité des graines et usages

Isabelle Maitre

Ecole supérieure des Agricultures, Groupe de Recherche en Agroalimentaire sur les Produits et les Procédés (GRAPPE), Angers, France

I. Maitre est Enseignante-chercheuse à l'Ecole supérieure des Agricultures d'Angers, Groupe de Recherche en Agroalimentaire sur les Produits et les Procédés (GRAPPE), coordinatrice du projet ANR JACK (France 2030) qui vise à changer le comportement du consommateur vers plus de légumes secs et à identifier les fonctionnalités culinaires des légumes secs et les relier aux itinéraires techniques.

« Explorer le potentiel des légumineuses : approche transdisciplinaire intégrant comportements alimentaires, innovation culinaire, propriétés fonctionnelles et dimension environnementale »

Face au changement climatique, l'intégration de plus de légumineuses dans l'alimentation humaine apparaît comme une solution indispensable. Cette famille de graines reste encore largement sous-exploitée et sous-consommée. Pourtant, leur potentiel nutritionnel et environnemental est remarquable. Leur attractivité auprès des consommateurs et des producteurs est cependant insuffisante.

Le potentiel culinaire des légumineuses est encore mal connu. Les recherches ont longtemps privilégié l'étude des facteurs antinutritionnels au détriment des propriétés fonctionnelles valorisables. Les relations entre composition et aptitudes culinaires, notamment dans des transformations peu traditionnelles comme en boulangerie ou en pâtisserie, sont encore peu connues.

La recherche et l'innovation dans ce domaine font face à plusieurs défis : diversité des espèces, sensibilité aux conditions de production, variabilité de la qualité des graines, méconnaissance des fonctionnalités, potentiel culinaire inexploité, et adoption encore limitée par les consommateurs.

Historiquement fragmentée entre disciplines (agronomie, sciences alimentaires, sciences sociales...), la recherche doit désormais s'appuyer sur des approches transdisciplinaires et multi-échelles. Une collaboration étroite tout au long des filières entre chercheurs, producteurs, industriels et consommateurs est essentielle pour accélérer la transition agroalimentaire. Le triptyque recherche–formation–innovation constitue un levier stratégique dans cette dynamique. Nous présenterons trois problématiques : tout d'abord les changements des comportements alimentaires des consommateurs, puis la traduction des qualités attendues par les usagers en caractéristiques des graines et enfin la mesure de l'impact environnemental d'un produit aux qualités nutritionnelles multiples.

Pour favoriser l'adoption de régimes alimentaires durables, les chercheurs testent des leviers via des modèles théoriques du changement de comportement. Une approche sensorielle, reposant sur des expériences gastronomiques, sera explorée.

Pour mieux relier les attentes des usagers aux qualités des graines, des aliments modèles sont développés. Chaque aliment modèle vise une ou plusieurs fonctionnalités précises attendues par les utilisateurs. Leur analyse permet d'identifier les attributs recherchés dans la diversité naturelle des graines.

Mesurer et comparer l'impact environnemental de produits alimentaires multifonctionnels soulève de nombreuses questions et difficultés que nous aborderons.

L'objectif final est d'explorer de manière intégrée le lien entre plaisir sensoriel, fonctionnalités culinaires, composition des légumineuses et conditions de production et de transformation tout en assurant une maîtrise de l'impact environnemental associé.



Communications orales





Session

Environnement abiotique et impacts sur les graines



La nutrition soufrée permet-elle une meilleure tolérance du blé au stress thermique ?

Rosie Sangata¹, Laurent Linossier², David Alvarez¹, Magali Joannin³, Valérie Lullien-Pellerin⁴, Sibille Perrochon¹, Marie-Françoise Samson⁴, Jacques Le Gouis¹, Julie Boudet¹

¹ Université Clermont-Auvergne, INRAE, UMR1095 GDEC, Clermont-Ferrand, France

² Limagrain Ingrédients, Riom, France

³ INRAE, UE1375 PHACC, Clermont-Ferrand, France

⁴ Université de Montpellier, INRAE, Institut Agro, UMR1208 IATE, Montpellier, France

Auteur principal : rosie.sangata@inrae.fr

La production de blé est utilisée à 80% après transformation, qui nécessite une qualité technologique spécifique, principalement déterminée par la concentration et la composition en protéines de réserve. Du fait du réchauffement climatique, les épisodes de fortes températures vont augmenter lors de l'accumulation de l'amidon et des protéines dans le grain, pouvant impacter le rendement et la qualité. La fertilisation soufrée a également un effet sur la qualité du grain du fait des différences de composition en soufre des protéines de réserve. Par ailleurs, le soufre a été identifié comme potentiel levier pour mieux tolérer les stress abiotiques, car il est impliqué dans la synthèse de molécules antioxydantes, tel que le glutathion. Les effets d'un stress thermique et d'un apport de soufre seuls sur le rendement et la qualité du grain ont été étudiés, mais l'effet de la contrainte thermique combinée à la nutrition soufrée est moins connu. L'objectif de l'étude est de comprendre comment la nutrition soufrée peut modifier l'impact du stress thermique sur le rendement et la qualité du blé tendre. Pour cela, une expérimentation au champ a été réalisée en appliquant ou non (i) du soufre à épiaison et (ii) un stress thermique à l'aide de tentes mobiles pendant le remplissage du grain. Afin d'évaluer la variabilité génétique des réponses, deux variétés contrastées pour leur stabilité de qualité ont été cultivées. Le rendement, la composition du grain et les propriétés rhéologiques de la pâte ont été évalués pour les différentes modalités. Le dispositif de tente mobile a permis d'élever la température diurne de plus de 3°C en moyenne. Cette augmentation a eu un effet négatif sur le rendement et le poids de mille grains. Par contre, la concentration en protéines du grain a été augmentée. Le stress thermique et l'apport du soufre ont modifié la composition du grain. L'effet bénéfique de l'apport de soufre sur le rendement et la qualité technologique en réponse à un stress thermique n'a cependant pas été observé. Néanmoins, l'analyse des propriétés rhéologiques a clairement identifié la différence de stabilité de qualité des deux variétés en réponse aux conditions environnementales.

Mots-clés : blé tendre - grain - qualité - nutrition soufrée - protéines de réserve - stress thermique

Stress thermique isolé ou récurrent chez le sorgho : aperçu physiologique et transcriptomique des réponses complexes.

Berger Angelique^{1,2}, Calatayud Caroline^{1,2}, Soriano Alexandre^{1,2}, Cakpo Belmys², Roques Sandrine^{1,2}, Vial Raoul^{1,2}, Laisne Thomas^{1,2}, Aguilar Gregory^{1,2}, Terrier Nancy², Granier Christine²

¹ CIRAD, UMR AGAP Institut, Montpellier, France

² UMR AGAP Institut, Univ Montpellier, CIRAD, INRAE, Institut Agro, Montpellier, France

¹ Auteur principal : angelique.berger@cirad.fr

Dans le contexte du changement climatique, l'intensification et la fréquence accrue des vagues de chaleur constituent une menace majeure pour la productivité des cultures. Le sorgho (*Sorghum bicolor* (L.) Moench), bien que considéré comme tolérant à la chaleur, reste vulnérable aux stress thermiques notamment lorsqu'ils surviennent lors des stades reproducteurs. Cette étude a évalué les réponses développementales, physiologiques et moléculaires du cultivar Macia exposé à quatre scénarios thermiques sous conditions contrôlées : (i) un témoin sans stress, (ii) un stress thermique de 2 jours à floraison, (iii) un stress thermique de 4 jours postfloraison, et (iv) un stress thermique récurrent combinant les deux stress, avec une période de récupération intermédiaire de 2 jours. Le stress récurrent a entraîné une réduction plus marquée du rendement en grains que les stress isolés. Cette perte résulte de la combinaison d'une baisse persistante du nombre de grains par panicule (similaire à celle observée lors du stress à la floraison) et d'une forte diminution du poids de mille grains, plus importante que celle induite par un stress unique postfloraison, mettant en évidence un effet sur-additif du stress récurrent sur la qualité des grains. Parallèlement, un phénomène de tallage a été observé : les plantes ayant subi un stress récurrent ont produit davantage de talles axillaires. Ce mécanisme plastique contribue partiellement à compenser les pertes en maintenant le rendement global par plante. Les analyses transcriptomiques réalisées sur les feuilles et les grains ont révélé des signatures moléculaires de stress spécifiques à chaque organe, suggérant un phénomène de mémoire du stress dans les feuilles et de réinitialisation de la réponse dans les grains. Des analyses métabolomiques sont en cours pour caractériser les ajustements biochimiques associés à ces réponses différentielles. Ces résultats soulignent la complexité des interactions entre stress thermique et développement, et l'intérêt d'approches multi-échelles pour comprendre et exploiter la résilience du sorgho face au changement climatique.

Effet du stress hydrique sur la vigueur germinative et le développement précoce chez le colza (*Brassica napus*)

Khadidiatou DEMBA, Nathalie NESI, Anne LAPERCHE

UMR 1349 : Institut de Génétique, Environnement et Protection des Plantes (Rheu, France)

Dans un contexte de changement climatique, les semis estivaux deviennent de plus en plus aléatoires pour le colza (*Brassica napus*), en raison de la hausse des sécheresses précoces et de la variabilité des précipitations. Une germination insuffisante ou hétérogène en conditions limitantes en eau compromet l'implantation de la culture, et donc son potentiel de rendement. Le choix de variétés capables de s'établir efficacement malgré un déficit hydrique est un levier crucial pour améliorer la résilience du colza.

Cette étude vise à caractériser la diversité génétique de la réponse au stress hydrique précoce sur la vigueur germinative et d'explorer les relations entre performances à la germination sensu stricto et le développement très précoce. L'ambition est d'identifier des génotypes stables ou plastiques face à cette contrainte. Pour cela, 40 génotypes de colza de type hiver ou printemps ont été phénotypés sur deux plateformes automatisées du GEVES : PHENOTIC pour la germination (96 h d'imbibition) et ELONCAM pour la croissance initiale précoce (9 jours d'imbibition), en condition limitante (-0,5 MPa, solution PEG) ou non limitante en eau. La vitesse, l'homogénéité et le taux de germination, ainsi que la longueur et la vitesse de croissance des racines et hypocotyles, le ratio shoot/root et le RGR ont été mesurés sur la durée des expérimentations.

Nos résultats montrent que le stress hydrique diminue la vitesse de germination mais améliore son homogénéité, sans altérer le taux final. La croissance racinaire est moins affectée que celle de l'hypocotyle en condition de stress. Une corrélation positive est observée entre capacité germinative et croissance racinaire/hypocotyle. Une variabilité forte existe entre génotypes, sans distinction significative entre hiver et printemps. Certains génotypes maintiennent de bonnes performances pour la germination et le développement initial, quelles que soient les conditions hydriques. D'autres sont plastiques, avec de bonnes performances soit à un seul stade, soit dans une seule condition.

Mots-clés : Colza, vigueur germinative, développement précoce, stress hydrique, plasticité

Les différences de dureté du grain de blé influencent-elles sa résilience aux paramètres du changement climatique ?

SERIE Marion¹, LE GOUIS Jacques², MARAVAL Georges¹, RAVEL Catherine², REAU Adrien¹, ROBERT Melina¹, SAMSON Marie-Françoise¹, LULLIEN-PELLERIN Valérie¹

1 IATE, INRAE, Univ. Montpellier, Institut Agro, Montpellier

2 GDEC, INRAE, U. Clermont Auvergne, Clermont-Ferrand

¹ Présenté par : SERIE Marion

La dureté du grain de blé joue un rôle majeur dans sa résistance mécanique et le devenir de ces différents tissus lors de son fractionnement en farines et semoules. La dureté est ainsi un paramètre clé pour moduler la composition des fractions obtenues et des produits finis fabriqués tels que pains, biscuits, pâtes alimentaires. Elle est déterminée d'une part par des facteurs génétiques, en particulier les gènes codant des protéines particulières, les Puroindolines (PINs) A et B qui jouent un rôle sur l'adhésion entre les granules d'amidon et les protéines de réserve et par les facteurs environnementaux qui vont jouer un rôle sur la composition et la microstructure de l'albumen, en particulier, la porosité du grain.

Les prévisions du GIEC sur le changement climatique annoncent une augmentation de la concentration atmosphérique du dioxyde de carbone (CO₂) de 420 à 550ppm (1), ainsi qu'une augmentation des fréquences de sécheresse des sols (2) d'ici 2050. Les résultats d'une méta-analyse montre que ces conditions environnementales modifient la composition du grain (3). Compte-tenu de l'implication des gènes codant les PINs et de l'environnement sur la microstructure du grain et son comportement meunier, il nous a semblé nécessaire d'évaluer la réponse de blés porteurs des gènes PINs sauvages ou mutés vis-à-vis du changement climatique. Ceci a été rendu possible par l'usage de deux lignées de blés tendres quasi-isogéniques se distinguant par l'allèle du gène codant pour PINB de type sauvage (*Pinb-D1a*) ou muté (*Pinb-D1b*), mais aussi d'un blé dur dans lequel les gènes codant pour les PINs sauvages, qui ne sont pas naturellement présents dans cette espèce, ont été introduits. Ces blés ont été cultivées sur la plateforme Pheno3C de Clermont-Ferrand (4) dans des conditions normales ou stressées (déficit hydrique et/ou augmentation du CO₂ à l'aide d'un système Free-Air CO₂ Enrichment). Les premiers résultats montrent que le déficit hydrique exerce l'effet le plus significatif, du grain jusqu'au fractionnement et met en évidence des différences en fonction des PINs présentes sur la réponse des blés aux stress appliqués. L'objectif final vise à mesurer les conséquences de ces changements jusqu'aux produits finis.

Références

- (1) <https://www.ipcc.ch/report/ar6/wg3/>
- (2) Mimeau, L., et al., 2021. Hydrology and Earth System Sciences 25, 653–669.
<https://doi.org/10.5194/hess-25-653-2021>
- (3) Ben Mariem, S., et al., 2021. Plants 10, 1052.
<https://doi.org/10.3390/plants10061052>
- (4) <https://pheno3c.hub.inrae.fr/>



Session
Qualité des graines et usages



L'évaluation technologique du blé tendre : apports du projet EVAGRAIN sur les constituants mineurs et les outils de caractérisation

Laura Rezette¹, Mélanie Munch², Flavien Alonzo¹, Sophie Berléand³, Patrice Buche⁴, Baptiste Chambrey⁵, Catherine Deborde¹, Guy Della Valle¹, Sonia Geoffroy⁶, Kamal Kansou¹, Sophie Le Gall¹, Laurent Linossier⁷, Benoit Meleard⁶, Luc Menut⁴, Marie-Hélène Morel⁴, Stéphane Néron³, Magalie Weber¹, Luc Saulnier¹

1 INRAE, UR 1268 BIA, Nantes, France

2 INRAE, Institut Agro Rennes, UMR 1253 STLO, Rennes, France

3 AgroParisTech, INRAE, Université Paris-Saclay, UMR 0782 SAYFOOD, Palaiseau, France

4 INRAE, Université de Montpellier, Institut Agro Montpellier, UMR 1208 IATE Montpellier, France

5 Axiane Meunerie, Val d'Anast, France

6 Arvalis-Institut du Végétal, Station Expérimentale, Boigneville, France

7 Limagrain Ingredients, ZAC Les Portes de Riom, Avenue George Gershwin, Riom, France

¹ Auteur principal: luc.saulnier@inrae.fr

L'évaluation de la qualité des blés est un enjeu stratégique pour la filière céréalière française. Historiquement centrée sur l'aptitude à la panification et la teneur en protéines à la récolte, cette évaluation est aujourd'hui remise en question par la diversification des systèmes de production et par les variations climatiques, qui accentuent la variabilité des lots et complexifient l'analyse.

Dans ce contexte, le projet EVAGRAIN, financé par l'Agence nationale de la Recherche, a réuni dix partenaires issus de la recherche publique et du secteur privé. L'ambition : mieux comprendre les déterminants de la qualité technologique des blés, identifier de nouveaux indicateurs, et développer des outils d'aide à la décision pour la filière, tant pour la boulangerie que pour d'autres débouchés agroalimentaires.

Après un rappel du procédé de panification, cette communication reviendra sur l'usage des principaux outils d'évaluation – alvéographe, farinographe, test de panification – et proposera une lecture critique de leur interprétation à la lumière des résultats d'EVAGRAIN. L'analyse croisée des données biochimiques et technologiques met en évidence des relations fortes entre la composition des farines et leurs propriétés fonctionnelles, en particulier pour l'absorption d'eau et l'indice d'élasticité (Ie). Elle souligne aussi le rôle déterminant des constituants dits "mineurs", comme les arabinoxylanes et les lipides, dans les propriétés des farines [1, 2].

Enfin, nous présenterons une nouvelle approche : le profil de qualité, développé pour exploiter plus finement le test de panification. Ce profil permet de mieux caractériser l'orientation technologique des blés, en complément – voire en alternative – à la note globale aujourd'hui utilisée pour l'inscription variétale [3].

1. Rezette et al. (2025). *Journal of Cereal Science*. <https://doi.org/10.1016/j.jcs.2025.104233>
2. Rezette et al. (2025). *Food Chemistry*. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2024.141232>
3. Munch et al. (2024). *Innovative Food Science and Emerging Technologies*. <https://doi.org/10.1016/j.ifset.2024.103771>

Comprendre les effets du réchauffement climatique sur le grain de blé en vue d'améliorer la stabilité de la qualité boulangère des récoltes

Laïla Rodrigues De Araujo Alves Cruz^{1,2}, Baptiste Vancostenoble³, Benoît Méléard³, Christine Girousse², David Alvarez², Lucie Le-Bot¹, Sibille Perrochon², Catherine Grand-Ravel², Valérie Lullien-Pellerin⁴, Luc Saulnier¹, Anne-Laure Chateigner-Boutin¹, Jacques Le Gouis²

1 UR BIA, INRAE, Nantes

2 UMR GDEC, INRAE, Université Clermont-Auvergne, Clermont-Ferrand

3 Arvalis Institut du Végétal

4 UMR IATE, Univ Montpellier, INRAE, Institut Agro, Montpellier

Et les partenaires INRAE UE PHACC, Agri Obtentions, Limagrain, KWS Momont Recherche, Florimond-Desprez, Lemaire-Deffontaines, Unisigma, DSV France, Syngenta, ASUR Plant Breeding

^{1,2} Auteur principal : larodriguesd@inra.fr

Les céréales constituent la ressource renouvelable la plus importante pour l'alimentation humaine et animale. La culture du blé, rencontre d'importants défis, comme des rendements et une qualité instable, une demande croissante de réduction des intrants. Ces problèmes sont exacerbés par le changement climatique. Il est ainsi prévu que les températures élevées et les vagues de chaleur extrêmes deviennent plus fréquentes, surviennent plus précocement et durent plus longtemps à l'avenir. Selon les scénarios du GIEC, les températures mondiales devraient dépasser les +2°C en 2050. Les études pour identifier des variétés résistantes aux changements climatiques, ne prennent pas pleinement en compte tous les aspects de la valeur d'usage du blé, notamment sa qualité boulangère.

Approfondir la compréhension des effets du changement climatique — et plus particulièrement du stress thermique — sur la qualité boulangère du blé, en considérant l'ensemble des composantes qui y sont liées est essentiel.

La présente étude vise à évaluer l'impact des variations climatiques sur la qualité technologique du blé tendre, en s'appuyant sur deux variétés contrastées quant à leur stabilité boulangère. Cultivées dans trois régions françaises soumises à des conditions thermiques divergentes, ces variétés font l'objet d'une caractérisation approfondie.

Des tests de panification et alvéogramme de Chopin ont montré des différences de comportement technologique des farines selon les régions. La mesure de paramètres physiques du grain (masse, volume, densité), a mis en évidence des différences variétales marquées et un effet significatif de l'environnement, notamment une interaction génotype × environnement sur la masse et le volume des grains. Parallèlement, une caractérisation biochimique est menée sur les constituants des grains et des farines. Les teneurs en amidon et en protéines varient selon les régions, avec des valeurs plus faibles observées en région Centre, suggérant un impact possible de la température. Des performances technologiques contrastées selon les environnements, soulignent des interactions possibles entre génotype et environnement.

Cette approche intégrée, combinant données agronomiques, technologiques et biochimiques, permettra de mieux comprendre les mécanismes par lesquels l'environnement influence la qualité boulangère. Elle ouvre la voie à l'identification de marqueurs prédictifs de résilience technologique et à l'élaboration de stratégies de sélection adaptées aux contraintes climatiques futures.

Analyse des métabolites présents dans les digestats gastriques issus de la dégradation du pain

BANCEL Emmanuelle¹, ZHOUR Houssein², PETERA Mélanie², CENTENO Delphine², LYAN Bernard², PEYRON Marie-Agnès³, DURAND Stéphanie², SANTE-LHOUTELLIER Véronique⁴, PUJOS-GUILLOT Estelle², RAVEL Catherine¹

1 INRAE, Université Clermont Auvergne, GDEC, Clermont-Ferrand

2 INRAE, Université Clermont Auvergne, UNH, Plateforme d'Exploration du métabolisme, MetaboHUB Clermont, Clermont-Ferrand

3 INRAE, Université Clermont Auvergne, UNH, Clermont-Ferrand

4 INRAE, QuaPA, Clermont-Ferrand

¹ Présenté par : BANCEL Emmanuelle

La métabolomique constitue une méthode analytique puissante, notamment pour explorer les relations entre nutrition et santé. Fréquemment appliquée à l'étude des fluides biologiques tels que le sang ou les urines, elle est largement reconnue comme un outil de phénotypage permettant d'identifier des biomarqueurs diagnostiques. Cependant, l'analyse métabolomique de digestats produits *in-vitro* a été peu abordée dans la littérature (1). Ce travail se distingue donc par son originalité, puisqu'il propose une étude cinétique de digestats gastriques issus de la digestion du pain, dans le but de caractériser la réponse métabolomique générée. Chaque pain utilisé a été élaboré à partir d'une variété unique de blé tendre (*Triticum aestivum* L) sélectionnée sur la base de résultats antérieurs (2). Quatre variétés présentant des différences marquées dans la digestibilité des protéines après 2 heures ont donc été retenues. Deux procédés de panification ont été appliqués (levure ou levain). Les digestats gastriques ont été produits à l'aide d'un digesteur dynamique (DIDGI®), à partir de bols alimentaires de pain préparés grâce au masticateur artificiel AM2, chaque appareil étant ajusté pour reproduire au mieux les conditions physiologiques de mastication et de digestion d'un adulte en bonne santé. Des échantillons ont été prélevés à 5, 30, 60 et 120 minutes après le début de la digestion. L'analyse non ciblée par spectrométrie de masse de ces 32 échantillons (4 variétés x 2 procédés x 4 temps) a produit 1 343 ions robustes. Compte tenu de la plus grande couverture métabolomique en mode positif, nous nous sommes focalisés sur les 1 146 ions détectés avec ce mode dont environ 1/3 a pu être annoté. Leur étude a révélé des profils métaboliques distincts. Parmi les facteurs étudiés, le temps de prélèvement s'est avéré être le plus discriminant, reflétant la nature dynamique de la digestion : dans le compartiment gastrique, l'action mécanique et enzymatique entraîne la disparition de certains métabolites et l'apparition de nouveaux composés. Procédés et variétés peuvent aussi être discriminés. De façon intéressante, les résultats montrent aussi une discrimination des variétés selon la digestibilité des protéines, ouvrant ainsi la possibilité d'identifier des métabolites marqueurs de la résistance à la digestion gastrique.

(1) Shewry, P. R.; America, A. H. P.; Lovegrove, A.; Wood, A. J.; Plummer, A.; Evans, J.; van den Broeck, H. C.; Gilissen, L.; Mumm, R.; Ward, J. L.; Proos, Z.; Kuiper, P.; Longin, C. F. H.; Andersson, A. A. M.; Philip van Straaten, J.; Jonkers, D.; Brouns, F. Comparative Compositions of Metabolites and Dietary Fibre Components in Doughs and Breads Produced from Bread Wheat, Emmer and Spelt and Using Yeast and Sourdough Processes. *Food Chem.* **2022**, 374, 131710. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2021.131710>.

(2) Lavoignat, M.; Denis, S.; Faye, A.; Halupka, L.; Perrochon, S.; Rhazi, L.; Giraudeau, P.; Déjean, S.; Branlard, G.; Bancel, E.; Ravel, C. Differences in Bread Protein Digestibility Traced to Wheat Cultivar Traits. *J. Cereal Sci.* **2022**, 107, 103533. <https://doi.org/10.1016/j.jcs.2022.103533>.

Valorisation du tourteau de noix : développement de procédés doux pour la production de concentrats protéiques destinés à l'alimentation humaine

Alice DECHEPPE¹, Sophie BEAUBIER¹, et Romain KAPEL¹

¹Université de Lorraine, CNRS, LRGP, 54000 Nancy, France

Le tourteau de noix, co-produit de l'extraction d'huile, représente une ressource sous-exploitée à fort potentiel pour l'alimentation humaine. Riche en protéines (jusqu'à 50 %) et contenant une fraction de lipides résiduels, il constitue une matière première intéressante dans une démarche de valorisation durable des graines oléagineuses.

Cette étude vise à développer des procédés de fractionnement permettant d'obtenir des concentrats protéiques fonctionnels à partir de tourteaux de noix, tout en limitant l'impact environnemental. Dans un premier temps, l'influence des traitements thermiques pré-pressage sur la qualité des tourteaux obtenus a été évaluée, en particulier la solubilité des protéines pour identifier le procédé le plus adéquat pour l'obtention de produits riches en protéines. Celle-ci s'est révélée très faible (< 10 %), notamment autour du point isoélectrique (pH 5), orientant le choix vers des procédés de lavages, pour concentrer les fractions d'intérêt dans la phase solide, tout en éliminant les fractions indésirables dans les effluents.

La seconde partie a consisté à mettre en œuvre et évaluer ces procédés de lavage en analysant la performance des procédés, la composition des concentrats et certaines propriétés fonctionnelles. La mise en place de deux lavages successifs a permis la production de concentrats (55 – 65% protéines). L'enchaînement d'un lavage alcoolique (éthanol) et d'un lavage aqueux (pH acide) a maximisé l'élimination des composés non-protéiques (57 % d'abattement contre 42 – 47 %), notamment certains polyphénols et sucres solubles, sans altérer la qualité des protéines résiduelles. Les lavages ont également permis d'améliorer significativement la capacité de rétention d'huile (1,7 – 3,4 g/g contre 1,4 g/g), propriété essentielle pour son incorporation dans des matrices alimentaires.

Ces résultats ouvrent la voie au développement de nouveaux ingrédients protéiques issus de coproduits, en réponse aux enjeux de durabilité et de diversification des sources de protéines. Des travaux complémentaires sont en cours pour optimiser les conditions opératoires des procédés identifiés vis-à-vis des fonctionnalités des produits obtenus tout en intégrant des critères technico-économiques et environnementaux.

Relations entre composition biochimique et propriétés fonctionnelles des lentilles et pois chiches

F. MZE HAMADI¹, M. DUFRECHOU², G. DELLA VALLE¹, S. LE GALL¹

¹UR 1268 BIA INRAE, Nantes, France

² USC 1422 GRAPPE, INRAE, L'Ecole Supérieure des Agricultures, SFR 4207 QUASAV, 55 rue Rabelais, BP 30748, 49007 Angers Cedex 01, France

¹ Auteur principal : faidat.mze-hamadi@inrae.fr

La consommation française de légumineuses à graines reste faible, malgré leur intérêt nutritionnel. Pour accroître leur attractivité, une approche consiste à proposer des produits adaptés aux préférences des consommateurs, tout en apportant plus de connaissances sur leurs qualités culinaires (propriétés fonctionnelles, nutritionnelles et sensorielles). Ce travail vise donc à identifier les facteurs gouvernant la qualité culinaire d'aliments-modèle à base de légumineuses à texture variée, en déterminant les relations entre la composition biochimique et leurs propriétés fonctionnelles.

Dans ce but, 20 lots de lentilles et 23 lots de pois chiches, récoltés en 2023 et 2024 en France, ont été analysés, incluant le poids de mille grains, la teneur en eau et la composition (protéines, amidon, polysaccharides pariétaux). Les propriétés fonctionnelles ont ensuite été évaluées par la détermination des cinétiques d'absorption d'eau pendant la cuisson, les distributions de temps de cuisson, et l'évaluation de la texture des graines.

Les résultats indiquent que les temps de cuisson varient de 16 à 26 minutes pour les lentilles et de 11 à 46 minutes pour les pois chiches (après trempage). Les lots qui cuisent lentement sont les plus hétérogènes à la cuisson. Pour les lentilles, ces lots montrent une résistance mécanique plus élevée après cuisson, allant de 102N à 168N, même à teneur en eau constante, ce qui suggère un rôle de leurs propriétés mécaniques intrinsèques. Ces propriétés sont influencées par certains monosaccharides constitutifs des polysaccharides pariétaux, soulignant ainsi l'effet des polymères internes de la graine sur les caractéristiques mécaniques. Concernant les pois chiches, l'augmentation de la taille s'accompagne d'une diminution de la vitesse d'absorption d'eau en début de cuisson (comprise entre 2,9 et 4,9 min⁻¹.%bs), probablement en raison de la diminution de leur surface spécifique.

Ces relations montrent que la composition seule ne permet pas d'expliquer les propriétés fonctionnelles, et que l'organisation structurale des composants pourrait jouer un rôle notamment sur la diffusion de l'eau lors de la cuisson. A cet égard, le travail se poursuit par l'étude de la morphologie des graines par microscopie.

Cette étude est menée dans le cadre du projet ANR- JACK, qui a reçu le soutien de France 2030.

Variétés de féveroles, digestion des protéines et effet sur la fonction de barrière intestinale - rôle des fibres alimentaires

Myriam GRUNDY¹, Sandra WIART-LETORT¹, Frédéric DESSAUGE¹

1 PEGASE, INRAE, Institut Agro, 35590 Saint Gilles, France.

¹ Presenting author: myriam.grundy@inrae.fr

La diversification des sources protéiques en alimentation porcine constitue un enjeu majeur pour réduire la dépendance aux importations de soja et de maïs, améliorer l'autonomie protéique et diminuer l'empreinte environnementale de la production (Djuragic et al., 2021). Les légumineuses, notamment la féverole, représentent une alternative prometteuse en tant que source de protéines et de fibres alimentaires. L'incorporation de fibres alimentaires dans la ration peut favoriser la robustesse des systèmes immunitaire et digestif (Canibe et al., 2022). Cependant, leurs effets la physiologie digestive dépendent étroitement de leur nature, structure et propriétés physico-chimiques (Grundy et al., 2016). Cette étude vise à identifier les variétés de féveroles présentant la meilleure digestibilité protéique et les effets favorables sur la santé digestive, particulièrement le maintien de la barrière intestinale.

Trois approches complémentaires ont été développées : i) caractérisation biochimique de dix variétés de féveroles avec un focus sur les profils protéiques et les fibres alimentaires, ii) évaluation par digestion *in vitro* du degré de protéolyse, iii) analyse de l'impact sur l'intégrité intestinale par mesure de la perméabilité trans-épithéliale et de l'expression des protéines de jonctions serrées sur la lignée cellulaire jéjunale IPEC-J2.

Les variétés de féveroles testées présentent des degrés d'hydrolyse protéique significativement différents. Contrairement aux hypothèses initiales, cette variabilité de digestibilité n'est pas corrélée à la composition en fibres alimentaires. L'évaluation de la fonction barrière intestinale sur le modèle cellulaire IPEC-J2 n'a pas permis de discriminer les effets des différentes variétés sur l'intégrité épithéliale.

Ces résultats suggèrent que la sélection variétale de féveroles pour l'alimentation et la santé intestinale porcine doit être multicritères. Cette sélection doit comprendre non seulement la composition des ingrédients, leur propriétés physico-chimiques mais également leur digestibilité (notamment protéique) et impact sur la barrière intestinale (où l'absorption des nutriments est majoritaire).

Références :

- Canibe, N., Højberg, O., Kongsted, H., Vodolazska, D., Lauridsen, C., Nielsen, T. S., & Schönherz, A. A. (2022). Review on preventive measures to reduce post-weaning diarrhoea in piglets. *Animals*, 12(19).
- Djuragic, O., Rakita, S., & Dragojlovic, D. (2021). The possibilities of alternative protein use in animal nutrition. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*, 854, 012026.
- Grundy, M. M.-L., Edwards, C. H., Mackie, A. R., Gidley, M. J., Butterworth, P. J., & Ellis, P. R. (2016). Re-evaluation of the mechanisms of dietary fibre and implications for macronutrient bioaccessibility, digestion and postprandial metabolism. *British Journal of Nutrition*, 116(5), 816-833.

Considérations technologiques et nutritionnelles en lien avec le séchage de légumineuses germées : cas d'étude - le voème (*Vigna unguiculata* (L.))

Lisa PAPA¹, Francis COURTOIS², Hippolyte KODJA¹, Eric RONDET², Kaies SOUIDI¹

1 Université de La Réunion

2 Université de Montpellier

Auteur présentant : lisa.papa@univ-reunion.fr

L'île de La Réunion dépend fortement des importations pour son alimentation. L'amélioration de la souveraineté alimentaire devient donc un enjeu important pour le développement de ce territoire insulaire. Par ailleurs, la prévalence des maladies métaboliques à caractère aliment-dépendant y est deux fois plus élevée qu'en France hexagonale [1].

Dans ce contexte, les graines de légumineuses, compte tenu de leurs richesses nutritives, représentent une ressource prometteuse pour offrir une alimentation saine, durable et accessible à la population réunionnaise, d'autant plus que le territoire bénéficie d'une riche biodiversité en la matière et peu consommée.

Des études antérieures menées au sein de l'UMR QualiSud ont permis d'explorer le potentiel des procédés sobres (low-tech) dans le processus de valorisation des matrices légumineuses [2]. Le bio-procédé de germination a révélé de nombreux bienfaits nutritionnels sur des légumineuses comme le niébé et la lentille. Réalisée dans des conditions contrôlées, une germination *sensu stricto* permet en effet de réduire jusqu'à 98 % la teneur en alpha-galactosides — des composés anti-nutritionnels responsables de troubles digestifs. Ce procédé favorise également la promotion de facteurs nutritionnels, comme l'accroissement des teneurs en vitamines B1 et B9. Les graines germées ainsi obtenues nécessitent des étapes ultérieures de traitement technologique (séchage, broyage) permettant de prolonger la durée de conservation et de fournir une diversité de produits à l'état sec et granulé.

Les modifications structurales et chimiques induites par la germination sont susceptibles d'impacter la conduite de l'opération de séchage. Pour estimer ces potentiels changements, les isothermes de sorption (adsorption et désorption) d'eau et les cinétiques de séchage des graines germées sont étudiés et comparés à ceux des graines non germées ainsi qu'aux données de la littérature existante. D'autre part, le séchage, bien qu'il soit conduit dans des conditions douces, peut altérer le gain nutritionnel généré par la germination. Les données expérimentales de dégradation des composés nutritionnels d'intérêt contenus dans les graines de légumineuses germées sont mises en regard des modèles de dégradation les plus couramment utilisés dans la littérature.

Références bibliographiques :

[1] MÉJEAN C. et al. (dir.), 2020 – Alimentation et nutrition dans les départements et régions d'Outre-mer / Food and nutrition in the overseas regions. Marseille, IRD Éditions, coll. Expertise collective, bilingue français-anglais, 208 p. + clé USB.

[2] AVEZUM, L., 2023 – Germination in Pulse Seeds: Comprehensive Insights via Biochemical, Metabolic, Proteomic, and Immunohistochemistry analysis. Thèse, Université de Montpellier, Montpellier.

De la graine de lupin à des ingrédients alimentaires fonctionnels : impact du procédé de fractionnement

Perrine Gélébart¹, Alice Kermarrec¹, Lucie Birault-Ribourg¹, Sophie Le-Gall¹, Anne Meynier¹, Alain Riaublanc¹, Claire Berton-Carabin^{1,2}

1 INRAE, UR1268 BIA, F44300 Nantes, France

2 Wageningen University & Research, Laboratory of Food Process Engineering, 6700 AA Wageningen, The Netherlands

¹ Perrine Gélébart : perrine.gelebart@inrae.fr

Dans un contexte d'une demande croissante d'ingrédients protéiques végétaux pour les applications alimentaires, le fractionnement voie sèche est un procédé durable pour produire des fractions protéiques à partir de graines. Cette approche est plus économe en énergie et préserve mieux la fonctionnalité des protéines que le fractionnement par voie humide. Pour ce faire, le procédé appelé turbo-séparation s'est révélé efficace pour séparer les particules riches en protéines des grains d'amidon dans le cas des farines de légumineuses telles que le pois jaune. Ce procédé est aussi appliqué à d'autres types de graines ne contenant pas d'amidon mais d'avantage de lipides et de fibres, telles que le lupin. Même si l'absence d'amidon limite alors la performance et la pertinence de la turbo-séparation, ce procédé est actuellement déployé à l'échelle industrielle pour moduler la teneur en protéines de farines de lupin. Bien que des travaux aient été réalisés sur les propriétés fonctionnelles des fractions ainsi obtenues, la composition détaillée des ingrédients ainsi que leurs propriétés fonctionnelles sont peu étudiées dans la littérature [1].

L'objectif de ce travail est d'évaluer la morphologie, la composition détaillée et les propriétés fonctionnelles de fractions de lupin obtenues par turbo-séparation en comparaison avec celles d'un concentré de protéines de lupin obtenu par voie humide. La turbo-séparation a permis d'obtenir une fraction légèrement enrichie en protéines qui a ensuite été utilisée pour le fractionnement voie humide pour augmenter encore la concentration protéique. La morphologie des échantillons a été caractérisée par des mesures de taille de particules et des approches de microscopie (MEB, CLSM). Nous nous sommes également concentrés sur l'analyse des composants non protéiques, tels que les fibres et les lipides présents à plus de 10% en base sèche dans la farine de lupin. Les lipides peuvent notamment avoir un fort impact sur la solubilité, la dispersibilité et les propriétés émulsifiantes des fractions – propriétés qui ont été systématiquement caractérisées expérimentalement dans ce projet. Les résultats obtenus confirment l'intérêt du fractionnement voie sèche et le fait qu'il n'est pas toujours nécessaire d'avoir des ingrédients protéiques végétaux d'une grande pureté, selon les fonctionnalités recherchées.

[1] Keuleyan, E., Gélébart, P., Beaumal, V., Kermarrec, A., Ribourg-Birault, L., Le Gall, S., Meynier, A., Riaublanc, A., & Berton-Carabin, C. (2023). Pea and lupin protein ingredients: New insights into endogenous lipids and the key effect of high-pressure homogenization on their aqueous suspensions. *Food Hydrocolloids*, 141, 108671.



Session

Aspects fondamentaux de la biologie des graines



Comment se forme une graine contenant un embryon haploïde chez le maïs ?

Andrea R.M. Calhau^{1,2}, Nathanaël M.A. Jacquier^{1,2}, Emilie Montes¹, Priyanka Basavaraddi², Thomas Widiez¹

¹ Laboratoire Reproduction et Développement des Plantes, Univ Lyon, ENS de Lyon, UCB Lyon 1, CNRS, INRAE, F-69342, Lyon, France.

² Limagrain, Limagrain Field Seeds, Research Centre, F-63360 Gerzat, France.

¹ Auteur principal: Andrea Calhau (andrea.calhau@ens-lyon.fr)

La formation d'une graine chez les plantes à fleurs repose sur un processus remarquable : la double fécondation. Deux événements de fusion distincts entre gamètes mâles et femelles donnent naissance à un embryon diploïde (par fusion entre cellule spermatique et cellule œuf) et à un endosperme triploïde (issu de la fécondation entre cellule spermatique et cellule centrale). Toutefois, une lignée particulière de maïs découverte dans les années 1950 dite inductrice d'embryons haploïdes, déroge de ce schéma classique. En effet, le pollen de cette lignée déposé sur n'importe quelle lignée femelle, déclenche le développement de la cellule œuf en un embryon haploïde, contenant uniquement le génome maternel, tandis que la cellule centrale est correctement fécondée. Il en résulte une graine viable, mais contenant un embryon haploïde sans matériel génétique paternel. Bien que cette induction d'embryons haploïdes *in planta* constitue un outil puissant pour la sélection variétale chez le maïs depuis plus de 15 ans, ses bases moléculaires restent mal comprises.

Notre étude vise à comprendre les défauts qui surviennent pendant la double fécondation lors de l'induction d'embryons haploïdes, en caractérisant les anomalies survenant chez deux mutants inducteurs d'embryon haploïdes : *not-like-dad (nld)*, codant une phospholipase, et *zmdmp*, codant une protéine membranaire. Pour cela, un protocole a été développé permettant la visualisation directe des noyaux des cellules spermatiques au sein des sacs embryonnaires. En combinant des lignées de marqueurs fluorescents spécifiques des cellules spermatiques avec des techniques de fixation et de transparisation des ovules, nous avons suivi et quantifié le devenir des gamètes mâles lors de la fécondation par imagerie confocale. Nos résultats montrent que ces mutants ont des défauts de fécondation, avec une fréquence accrue de cellules spermatiques non fusionnées. En combinant les approches de la génétique et de la biologie cellulaire, notre travail contribue à une meilleure compréhension de la double fécondation chez le maïs et ouvre des perspectives pour élucider le mode d'action des lignées inductrices d'embryons haploïdes.

L'identification de déterminants génétiques de la formation d'albumen autonome chez Arabidopsis comme levier pour induire l'apomixie

Camille Salaün¹, Duarte D. Figueiredo¹

*1 Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie,
Am Mühlenberg 1, 14476 Potsdam, Allemagne*

¹ Auteur principal : salaun@mpimp-golm.mpg.de

Chez les Angiospermes, le développement de la graine commence après la double fécondation de la cellule œuf et de la cellule centrale par deux cellules spermatiques. Cela conduit à la formation de deux structures distinctes, l'embryon et l'albumen, entourées de téguments d'origine maternelle. Certaines espèces, dites apomictiques, peuvent produire des graines sans fécondation. Cependant, ce caractère d'intérêt agronomique n'est pas présent chez les principales espèces cultivées. Le processus d'apomixie comprend trois étapes : (i) le contournement de la méiose (apoméiose ou améiose), (ii) la formation d'un embryon parthénogénétique et (iii) le développement autonome de l'albumen. Si les deux premiers points ont déjà été introduits dans des espèces non apomictiques, le dernier reste un frein. En effet, on sait que l'application d'auxine ou des mutations dans certaines sous-unités du Complexe Répressif Polycomb 2 (PRC2) induisent la formation d'albumen autonome, mais sa croissance et sa cellularisation demeurent un facteur limitant. Parmi les mutants PRC2, *fie* conduit à la formation de grosses graines autonomes avec un albumen abondant, tandis que *fis2* produit de petites graines autonomes. Ainsi, ce projet vise, dans un premier temps, à identifier les mécanismes moléculaires impliqués dans la formation d'albumen autonome, puis à générer des graines apomictiques chez Arabidopsis, en combinant différents fonds génétiques. Un crible génétique suppresseur a permis d'identifier ARID2 (AT-Rich Interaction Domain 2), comme étant un déterminant génétique du développement d'albumen autonome abondant des mutants *fie*. ARID2 fait partie de complexes protéiques, nommés PEAT, agissant comme répresseurs transcriptionnels. L'étude fonctionnelle que nous avons menée sur ARID2 et les différents membres des complexes PEAT a révélé un rôle possible de ces complexes dans la répression génétique du développement de la graine en absence de fécondation, en complément ou en parallèle de celui de PRC2. Les résultats obtenus permettent une meilleure compréhension de la répression du développement autonome des graines chez les espèces non apomictiques et fournissent de nouvelles clés pour l'introduction de l'apomixie dans les espèces cultivées.

Contribution de la traduction sélective à la régulation post-transcriptionnelle de la dormance des graines d'Arabidopsis

C. Bailly¹, M.V. Gomez-Roldan¹, E. Layat¹, R. Jurdak¹, N. Chaumont¹, J. Bazin²

¹ Sorbonne Université, CNRS, Inserm, Institut de Biologie Paris-Seine, IBPS, F-75005 Paris, France

² IPS2, CNRS, INRAE, Universités Paris-Saclay, Évry et Paris-Cité, F-91190, Gif-sur-Yvette, France

¹C. Bailly: christophe.bailly@sorbonne-universite.fr

La traduction et la dégradation sélectives des ARNm jouent un rôle clé dans la régulation de la germination et de la dormance des graines de diverses espèces. Nos travaux ont montré que la levée de dormance des semences d'Arabidopsis reposait sur une régulation synchronisée et temporelle de la transcription, de l'association aux polysomes et de la dégradation des ARNm. Cependant, les mécanismes précis régulant ces processus demeurent peu connus.

Afin de mieux comprendre les bases de la traduction sélective, nous avons effectué un profilage ribosomique (ribo-seq) comparatif entre des graines dormantes et non-dormantes d'Arabidopsis. Le profilage ribosomique a permis de caractériser la dynamique de distribution de la densité des ribosomes le long de chaque transcrit d'ARNm lors de l'imbibition des graines dormantes et non-dormantes. Ainsi la densité de ribosomes dans la région du codon start des transcrits associés à la dormance était élevée dans les graines sèches mais fortement modifiée après levée de dormance par stratification. Nous avons évalué l'efficacité de traduction (TE) pour chaque ARNm et nos résultats montrent le rôle clé de la traduction sélective dans la germination. Afin de mieux comprendre cette régulation, nous avons combiné les données de ribo-seq avec des mutations ciblées dans les cadres de lecture ouverts en amont (uORFs) de certains gènes. Nous montrons que les uORFs influencent la traduction des cadres de lecture principaux codant pour des protéines (mORFs) dans le contexte de la germination des graines. La compréhension des mécanismes impliqués dans le devenir des ARNm offre de nouvelles stratégies potentielles pour améliorer la germination des semences chez diverses espèces végétales.

Rôle de la décompaction de la chromatine dans la levée de dormance des graines et l'allelopathie

Candice Magne^{1,2}, Laure Fontimpe^{1,2}, Christophe Bailly^{1,2}, Aude Maugarny^{1,2}

1. Sorbonne Université, CNRS, Inserm, Développement Adaptation et Vieillesse, Dev2A, F-75005 Paris, France

2. Sorbonne Université, CNRS, Inserm, Institut de Biologie Paris-Seine, IBPS, F75005 Paris, France

Auteur principal: aude.maugarny-cales@sorbonne-universite.fr

Dans les régions tempérées, la majorité des graines présentent une dormance, ce qui les rend temporairement incapables de germer, même dans des conditions environnementales favorables. Les régulations de la chromatine ont été impliquées dans la levée de la dormance des graines notamment via la répression transcriptionnelle de gènes clés de la dormance. De manière globale, lors de la levée de dormance, on observe une augmentation de la taille du noyau ainsi qu'un relâchement de la chromatine. Toutefois, le rôle fonctionnel de cette réorganisation chromatinienne dans le processus de levée de dormance reste mal compris, tout comme les mécanismes qui en sont à l'origine.

Dans ce projet, nous avons testé par des approches génétiques et pharmacologiques le rôle différents régulateurs de la chromatine sur la levée de dormance chez *Arabidopsis*. Ces résultats suggèrent que la levée de dormance est contrôlée par une relaxation de la chromatine induite entre autres par des acétylations d'histone. Ce travail nous a également amené à nous interroger sur un possible effet de molécules naturelles libérées dans le milieu par les plantes qu'on appelle des allélochimiques sur la levée de dormance.

En explorant le lien entre les états de la chromatine et la dormance des graines, ce travail apporte un éclairage nouveau sur les mécanismes moléculaires qui régulent cette phase clé du cycle de vie des plantes. Ces résultats pourraient contribuer à l'amélioration des stratégies de germination des semences et à l'optimisation de la production agricole.

Dissecting molecular regulations and physiology of seed development of white lupin : a reference for source-sink relations studies and future breeding improvements

Corentin Dourmap¹, Melvin Bellecombe¹, Julie Lalande¹, Jérôme Verdier¹ and Guillaume Tcherkez^{1,2}...

1 Université d'Angers, INRAE, Institut Agro, Institut de Recherches en Horticulture et Semences (IRHS),

Beaucouzé, France.

2 Australian National University, Research School of Biology, ANU College of Science, Canberra, Australia.

¹ Auteur principal: corentin.dourmap@univ-angers.fr

Climate change, increased needs for food, industry and mitigation of environmental impact are currently driving changes in agricultural practices. Moreover, increasing demand for plant-based protein in substitution to animal protein or to reduce European Union's soybean importations is driving cultivation of high-protein crops. Legumes are such crops that play a critical role in this process. Amongst them, white lupin is a so-called orphan species, i.e. associated with relatively little cultivated surface area worldwide and limited agronomic knowledge. Lupin is nevertheless very promising since seeds contain a high content of storage proteins with interesting nutritional properties. The lack of knowledge about biology and physiology of white lupins has inhibited breeding efforts to create new varieties capable of overcoming cultural obstacles and leading to the development of white lupin cultivation. To remedy this, a vast effort was made to characterise the physiology of white lupin, in particular to study the source-sink relations impacting on seed filling and determining seed quality. A detailed description of the development of the white lupin seed was therefore carried out using advanced techniques. Thus, proteomics by UPLC-MS/MS, transcriptomics by RNA-seq and NMR- and high-resolution GC-MS-based metabolomics were used on developing seeds sampled from the end of embryogenesis and the start of the maturation phase to the end of the desiccation phase. Results defined major metabolic pathways used by white lupin seed to feed the building of storage compounds. It gave also precise information about the timing of accumulation of proteins and molecular networks regulating maturation and dehydration phases. This study is the first step towards identifying metabolic and molecular markers of optimal seed filling, nutritional and germinative qualities, which will be very useful for breeding new varieties to develop the cultivation and use of white lupins.



Session
Ecologie et traits de vie des graines



Réseaux de dispersion des graines : synergies entre mammifères sauvages et domestiques

Arne Saatkamp^{1,}, Lucile Petit¹, Peter Poschlod²,*

¹Aix Marseille Université, IMBE UMR 7263, CNRS, IRD, Avignon Université, Marseille, France

²University of Regensburg, Institute of Plant Sciences, Regensburg, Germany

** ¹ auteur principal: arne.saatkamp@imbe.fr*

La dispersion des graines par les grands mammifères européens constitue un vecteur clé du maintien et de la connectivité des communautés végétales, mais son intégration dans les stratégies de gestion écologique reste encore parcellaire. Nous avons réalisé une revue critique de la littérature sur la zoochorie impliquant de grands mammifères en Europe, compilant les résultats de 68 études scientifiques. Les événements de dispersion, principalement endozoochores, ont été analysés pour 25 espèces de grands mammifères européens à l'aide de réseaux bipartites plantes-dispersants.

L'analyse de ces réseaux révèle quatre groupes de mammifères associées à des cortèges floristiques distincts, soulignant une structuration fonctionnelle de la dispersion. Les données endozoochores indiquent que les mammifères domestiques transportent environ neuf fois plus de graines que les espèces sauvages. Cette capacité est modulée par des traits fonctionnels tels que le poids corporel ou la hauteur. En revanche, les événements d'épizoochorie (dispersion de graines par le pelage) présentent une modularité plus faible, traduisant des différences moins marquées entre groupes d'espèces sur le plan des associations plantes-dispersants.

Ces résultats mettent en lumière une complémentarité écologique forte entre mammifères sauvages et domestiques, ainsi qu'entre herbivores et carnivores. Cette diversité fonctionnelle suggère un rôle important pour les troupeaux domestiques itinérants, qui offrent un levier pertinent pour la conservation de la flore dans les paysages anthropisés. De plus, intégrer cette complémentarité dans les pratiques de gestion par le pâturage pourrait renforcer la résilience des communautés végétales face aux changements globaux.

Les banques de semences des Conservatoires botaniques nationaux : un outil indispensable pour préserver la biodiversité

Roumier Axelle¹, Dixon Lara²

1 Conservatoire botanique national (CBN) du Massif central

2 Conservatoire botanique national (CBN) Méditerranéen

¹ axelle.roumier@cbnmc.fr

² l.dixon@cbnmed.fr

Les Conservatoires botaniques nationaux (CBN) sont habilités par l'État pour prélever et conserver des semences d'espèces sauvages dont des espèces menacées d'extinction. Les banques de semences des CBN du Massif central et Méditerranéen abritent une riche collection de semences d'espèces indigènes. Ces graines ont été récoltées dans les milieux naturels à partir de 1975 jusqu'à nos jours. Les semences sont prélevées selon un protocole d'échantillonnage visant à respecter la ressource et à représenter au maximum la diversité génétique d'une espèce et de ses populations. Une fois récoltées, les semences sont triées, séchées puis congelées, réfrigérées ou lyophilisées pour assurer un stockage sur le moyen à long terme. La viabilité des lots de graines est contrôlée à l'aide de tests de germination. Des tests de viabilité et de germination ont révélé qu'après 50 ans de conservation, les graines de certains lots germent aussi bien que l'année suivant leur récolte.

Les semences ont été collectées par les botanistes des Conservatoires au cours de programmes spécifiques ou dans le cadre d'inventaires de la flore au gré des découvertes.

Les semences ainsi conservées peuvent être utilisées dans le cadre de programme de renforcement ou de réintroduction d'espèces rares et menacées, lorsque la conservation *in situ*, c'est-à-dire sur le site originel de la population n'est pas suffisante ou échoue. Pendant que les banques de semences constituent une hypothétique mesure de sécurité supplémentaire contre la disparition d'espèces rares, elle ne doit nullement remplacer les mesures de conservation menées sur le terrain. Nous présentons ici quelques études de cas qui illustrent les difficultés de l'utilisation de semences sauvages dans le contexte de la restauration de populations sauvages, et qui soulignent l'importance de la conservation *in situ* comme pierre de mesure du succès de conservation d'espèces menacées.

Les CBN ont développé des bases de données (BD) spécifiques qui documentent les espèces détenues dans la banque de semences. Ces BD permettent de partager les données sur les caractéristiques des semences, les conditions de germination testées au sein du réseau des CBN, auprès des Jardins Botaniques avec mission de conservation de la flore et avec les établissements de recherche scientifique.



Session

Graines et environnements biotiques : pathogènes et microbiotes



Germinating seeds as a source of novel antimicrobial peptides

Delphine Sourdeval¹, Chandrodhay Saccaram¹, Tracy François¹, Benoit Bernay³, Elodie Lemmens², Marie Simonin², Matthieu Barret², Shuang Peng¹, Boris Collet¹, Céline Brosse¹, Frédéric Chauffour⁴, Massimiliano Corso¹, Loïc Rajjou^{*1}

¹Université Paris-Saclay, INRAE, AgroParisTech, Institut Jean-Pierre Bourgin (IJPB), 78000, Versailles, France.

²Université Angers, Institut Agro, INRAE, IRHS, SFR QUASAV, 49071, Beaucozoué, France.

³Plateforme Proteogen, US EMerode, Université de Caen Normandie, 14000 Caen, France.

⁴SEED IN TECH, Centre INRAE, route de St-Cyr, 78026 Versailles Cedex

*Corresponding author: Loïc Rajjou

Seeds play a central role in plant reproduction, dispersal, and agricultural productivity. Their quality and vigour critically determine the success of germination and early seedling establishment, especially under increasingly variable environmental conditions. During germination, seeds release a complex mixture of compounds into the surrounding spermosphere, a dynamic microenvironment that shapes interactions with soil microbial communities. Among these compounds, peptides are emerging as key mediators of plant-microbe interactions. While plant-derived peptides are known to influence microbial diversity and may exhibit antimicrobial properties, the specific contribution of seed-exuded peptides remains largely unexplored, partly due to significant technical challenges. In this study, we present the first comprehensive characterization of the spermosphere peptidome, using seeds from eight genotypes of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) cultivated in two contrasting production regions. The protein-rich nature of common bean seeds makes them an ideal model for investigating peptide diversity during germination. Using untargeted LC-MS/MS-based peptidomic analysis, we identified 3,258 peptides originating from 414 precursor proteins. These findings offer novel insights into the molecular composition of the spermosphere and provide a foundation for understanding peptide-mediated biotic interactions during early plant development. To explore their functional potential, we applied AI-based predictive tools to assess antimicrobial activity. From these analyses, we selected 20 candidate antimicrobial peptides (AMPs) with the highest predicted activity scores for *in vitro* validation. Several of these peptides demonstrated antimicrobial activity against a broad range of bacterial and fungal plant pathogens, including seed-infecting species. Our findings reveal a previously uncharacterized reservoir of naturally exuded, bioactive peptides in the spermosphere, with promising potential as sustainable alternatives to synthetic pesticides in agriculture, particularly for seed treatment applications.

Acknowledgements & Funding

This research was conducted as part of the SUCSEED project (ANR-20-PCPA-0009) funded by the French ANR as part of the PPR-CPA program and has benefited from the support of IJPB's Plant Observatory technological platforms. The IJPB benefits from the support of Saclay Plant Sciences-SPS (ANR-17-EUR-0007).

Identification des mécanismes de défense dans les graines dormantes de tomates

Benjamin Hubert¹, Benoit Ly-Vu², Benoit Bernay^{3}, Joseph Ly-Vu⁴, Muriel Marchi⁵, Olivier Leprince⁶, Julia Buitink⁷*

Institut Agro, Univ Angers, INRAE, UMR 1345 IRHS, SFR QUASAV, F-49000 Angers, France

⁺ Normandie Univ, UNICAEN, US EMerode, Plateforme Proteogen, 14000 Caen, France

Auteur principal : benjamin.hubert@agrocampus-ouest.fr

La dormance est une stratégie adaptative essentielle permettant aux graines de persister dans le sol face à divers stress (a)biotiques, en attendant des conditions propices à la germination et à la dispersion. Pourtant, les mécanismes de défense associés à la dormance restent peu connus. Ainsi, cette étude vise à identifier les acteurs moléculaires impliqués dans les mécanismes de défense durant l'imbibition des graines dormantes de tomate (*Solanum lycopersicum*). Pour quantifier ces défenses, nous avons développé une méthode basée sur la néphélométrie afin de mesurer l'activité antifongique (AFA) de l'exsudat des graines imbibées contre *Alternaria brassicicola*, un agent pathogène non-hôte. Parmi une population MAGIC de tomate, nous avons montré que l'AFA des exsudats varie selon le stade de développement (dormant, germé, plantule) et le génotype. Après avoir confirmé que l'AFA est d'origine protéique, nous avons caractérisé le protéome des exsudats. Les profils protéiques se regroupent en fonction de l'AFA, et la corrélation entre l'abondance de certaines protéines et l'AFA a permis d'identifier des protéines candidates, tel qu'une polyphénol oxydase connue pour leur propriété antifongique. Des dissections ont révélé que l'albumen est la principale source d'AFA dans l'exsudat, et que la perte de dormance de l'albumen entraîne une diminution de cette activité. L'analyse des protéomes d'albumens dormants et non dormants montre un enrichissement en protéines de défense chez les albumens dormants, cohérent avec leur AFA. Des études transcriptomiques sur les albumens imbibés et pendant le développement des graines suggèrent l'activation d'un programme de défense pendant ces périodes. Afin de confirmer ces observations, la recherche actuelle se concentre sur l'analyse du protéome d'exsudat issus de graines dormantes en présence d'inhibiteur de la transcription ou traduction. Ces résultats permettront de mieux comprendre comment les semences se défendent et serviront à développer de nouvelles stratégies de gestion des agents pathogènes transmis par les semences.

Exploitation de nanocapsules lipidiques pour la formulation de traitements de semences en alternative aux pesticides conventionnels

Antonin Royer¹, Loïc Rajjou¹, Patrick Saulnier², Helen North¹

1 Université Paris-Saclay, INRAE, AgroParisTech, Institut Jean-Pierre Bourgin for Plant Sciences (IJPB), 78000, Versailles, France.

2 Université Angers, Inserm, CNRS, MINT, SFR ICAT, Angers, France

¹ Presenting author: antonin.royer@inrae.fr

Les lots de semences destinés aux agriculteurs doivent impérativement répondre à des critères de qualité physiologique et sanitaire. Depuis plusieurs décennies, le maintien de la vigueur des semences repose en grande partie sur l'application directe de pesticides de synthèse, notamment pour lutter contre les phénomènes de fonte de semis au moment de la germination et de l'établissement des plantules. Le segment des fongicides représente la plus grande part du marché des traitements de semences en France, devant les insecticides. Toutefois, en raison de leur impact environnemental élevé, de nombreuses matières actives ont déjà été retirées du marché (*e.g.* métalaxyl-M), et d'autres sont actuellement sous menace d'interdiction. Par conséquent, il devient urgent de développer des solutions alternatives aux pesticides conventionnels plus respectueuses de l'environnement. Dans le cadre du projet de recherche SUCSEED (PPR Cultiver et Protéger Autrement), des composés moléculaires biodégradables et à faible rémanence ont été identifiés. Dotées de propriétés antimicrobiennes ou capables de stimuler la germination des graines, ces molécules apparaissent comme des candidats prometteurs pour accompagner la transition agricole vers une réduction progressive des produits phytopharmaceutiques artificiels issus de la chimie de synthèse. Néanmoins, l'identification de ces molécules actives et biodégradables ne constitue qu'une première étape. Leur utilisation efficace nécessite le développement de technologies permettant la conservation de leur activité biologique lors de l'application sur les semences. Pour cela, une des pistes explorées repose sur l'utilisation de nanocapsules lipidiques : des nano-gouttelettes d'huile d'environ 50 nanomètres, qui offrent la capacité d'encapsuler et de délivrer des principes actifs aux propriétés physico-chimiques très variées. Les nanocapsules lipidiques permettent un adressage ciblé et une libération contrôlée des molécules transportées. Des résultats seront présentés démontrant leur innocuité vis-à-vis du pouvoir germinatif des semences de plusieurs génotypes de colza (*Brassica napus*) et de haricot (*Phaseolus vulgaris*). Des observations par microscopie seront exposées pour visualiser la capacité d'une molécule encapsulée à migrer jusqu'aux téguments des graines. Enfin, seront abordés les premiers résultats de formulation de ces molécules actives, qui confirment le fort potentiel des nanocapsules lipidiques pour contribuer à la nouvelle génération de traitements de semences, conciliant efficacité agronomique et respect de l'environnement.

Préservation de la qualité des graines de féverole (*Vicia faba* L.) : développement de connaissances pour améliorer la résistance à la bruche (*Bruchus rufimanus* Boh.)

Théo PARIS^{1*}, Jean-Bernard MAGNIN-ROBERT¹, Florence NAUDE¹, Céline ROND¹, Jean-Christophe TOTOZAFY², Céline BROSSE², Catherine DESMETZ¹, Karen BOUCHEROT¹, Anthony KLEIN¹, Blandine RAFFIOT³, Véronique BIARNES³, Martine LEFLON³, François PERREAU², Massimiliano CORSO², Karine GALLARDO¹, Vanessa VERNOUD¹, Pascal MARGET¹, Grégoire AUBERT¹, Nadim TAYEH¹

¹Université Bourgogne Europe, Institut Agro, INRAE, UMR Agroécologie, 21000 Dijon, France

²Université Paris-Saclay, INRAE, AgroParisTech, Institut Jean-Pierre Bourgin (IJPB), Versailles, France

³Terres Inovia, Avenue Lucien Bretignières, Thiverval-Grignon, 78850, France

*Auteur principal : theo.paris@inrae.fr

Les légumineuses (Fabaceae) présentent de nombreux intérêts agronomiques, nutritionnels et écosystémiques. La féverole (*Vicia faba* L.) fait partie de ces espèces : ses graines contiennent en effet près de 30 % de protéines. Utilisées majoritairement en alimentation animale, les graines de féverole, présentent un intérêt pour la consommation humaine, notamment en réponse à la demande croissante de végétalisation de l'alimentation. Toutefois, la qualité des graines de féverole est altérée par un coléoptère qui se nourrit d'une partie de leurs réserves et laisse un trou à l'émergence, la bruche de la féverole (*Bruchus rufimanus* Boh.). La dégradation de la qualité visuelle et éventuellement nutritionnel des graines infestées, ainsi que leur potentielle allergénicité, constituent des freins à leur utilisation pour l'alimentation humaine. Face au retrait progressif des substances actives autorisées contre ce ravageur et dans le cadre des pratiques agroécologiques, il est nécessaire de mettre en place des méthodes de lutte alternatives pour assurer une production de quantité et de qualité suffisantes. Une variabilité génétique pour la résistance à la bruche a été mise en évidence dans le cadre du projet ANR PeaMUST (2012-2020) et des locus à caractère quantitatif (QTL) associés à cette résistance ont été identifiés. Dans le cadre du projet Plant2Pro RésiBruche (2021-2025), des essais multi-environnementaux et multi-annuels ont permis de suivre le nombre d'œufs de bruches sur les gousses de féverole ainsi que l'infestation des graines en post-récolte, apportant des informations précieuses sur l'effet du génotype de la plante sur la préservation de la qualité de la graine face à la pression de l'insecte. L'impact de la bruche sur la qualité de la graine est actuellement évalué par des analyses métabolomiques de tissus infestés et non infestés de différents génotypes de féverole dans le cadre du projet ANR LETSPROSEED (2023-2028). L'ensemble de ces données vise à compléter les connaissances sur l'interaction féverole-bruche et ses conséquences sur la qualité de la graine. L'objectif à moyen terme est de permettre l'élaboration de variétés résistantes, adaptées à une agriculture agroécologique et destinées à l'alimentation humaine.



Posters



Accumulation of chemical compounds (protein, carbohydrates) during seed development and yield component establishment of lentil: effect of contrasted growth conditions

BOUTERSKY Tessa¹, HELLOU Guénaëlle², PIVA Guillaume¹

1 École supérieure des agricultures, USC LEVA, Angers, France

2 Institut Agro, INRAE, IRHS, Angers, France

¹Presenting author: t.boutersky@groupe-esa.com

Lentil is an interesting pulse crop known to be good for human health as well as providing ecosystemic services in agriculture. Indeed, legumes have nutritional benefits like high protein content and can display value-added culinary applications. However, it is under-consumed and under-produced in France notably due to high yield variability. Also, establishment of seed biochemical composition is little explored as well as how it is influenced by agronomic practices. Thus, there is a need to better understand how seed biochemical composition is built during seed development in the field. For this, a two-year field study (a micro-plot trial with four replicates) in a farm next to Angers was carried out to better describe how seed composition and yield lentil are established and influenced by abiotic factors namely temperature and soil water content during seed filling. To obtain contrasting environmental conditions during plant development and seed filling, two crops practices were used: three different sowing dates and an irrigated/non-irrigated treatment on the second sowing date has been tested. Climate factors have been tracked with one weather station and three sensors per micro-plot placed under plant cover. Yield components were measured (plant density, pod and seed number per plant, seed weight). Seed samples have been collected at five seed development stages: at the beginning, during and at the end of seed filling as well as during seed maturation phase and at harvest. Seed water content and several seed chemical compounds have been quantified such as protein, glucose, starch and non-starch polysaccharides. Contrasted climatic situations were generated during the two-year field trial by temperature and soil water content variations. As a result, seed compound contents were impacted at harvest as well as during accumulation depending on climatic conditions, notably carbohydrate compounds such as glucose.

Nouvelles perspectives sur l'aptitude au décortilage du tournesol

Patrick Carré¹, Jean-Philippe Loison², Laurent Gervais³, Marie Coque⁴

1 Terres Inovia, Pessac, France

2 ITERG, Canéjan, France

3, RAGT, Rivières, France

4, Soltis, Toulouse, France

¹ Auteur de la présentation: p.carre@terresinovia.fr

Le progrès génétique visant à augmenter la teneur en huile du tournesol s'est accompagné d'une diminution de l'aptitude au décortilage des akènes. Il n'est donc plus possible de produire des tourteaux de tournesol à plus de 35 à 36 % de protéines, alors qu'un décortilage complet permettrait d'atteindre jusqu'à 50 %.

Pour mieux comprendre l'origine du problème, trente variétés ont été cultivées sur quatre sites pendant deux ans. Outre l'aptitude au décortilage (AD), on a mesuré les teneurs en huile et en protéines, le poids de 1000 graines et la densité apparente. Les corrélations entre ces paramètres et l'AD étaient faibles. L'effet variétal, bien que très significatif, n'expliquait que 33 % de la variabilité de l'AD. En revanche, deux variables pédoclimatiques expliquaient 91 % de cette variabilité : la disponibilité en eau à la floraison et pendant le remplissage des grains. Un apport en eau suffisant à la floraison favoriserait le développement du péricarpe, tandis qu'une forte disponibilité en eau lors du remplissage augmenterait le développement de l'embryon, générant des contacts avec le péricarpe et réduisant ainsi l'AD.

Des observations microscopiques (x200) d'akènes issus de quatre cultivars contrastés, cultivés sur deux sites et deux années, ont confirmé ces hypothèses. Un meilleur décortilage était associé à une réduction des surfaces de contact ou à des coques plus épaisses. Dans un cas, un stress hydrique à la floraison a réduit l'épaisseur du péricarpe et l'AD. Ailleurs, un bon développement du péricarpe grâce à une disponibilité de l'eau adéquate à la floraison, combiné à une absence de stress au remplissage, a favorisé le contact entre embryons et péricarpes, limitant également l'AD. Le meilleur décortilage a été obtenu avec un apport en eau suffisant à la floraison, mais limité pendant le remplissage, aboutissant à des péricarpes épais et à peu de zones de contact.

Le mécanisme d'adhérence semble lié à un contact étroit entre péricarpe et embryon, créant un effet « ventouse » empêchant la séparation à l'impact. Ces résultats soulignent l'importance de l'eau à la floraison pour l'AD et suggèrent qu'il serait possible de sélectionner des cultivars à péricarpes épais et volumineux, favorisant le développement de l'embryon sans génération d'adhérences.

Identification des déterminants génétiques de la vigueur germinative chez le colza en condition limitante en eau

Khadidiatou DEMBA, Nathalie NESI, Anne LAPERCHE

UMR 1349 : Institut de Génétique, Environnement et Protection des Plantes (Rheu, France)

La culture du colza (*Brassica napus*) est confrontée à des difficultés d'implantation, en raison du stress hydrique en début de cycle. Améliorer l'implantation par la sélection de génotypes vigoureux et tolérants à la sécheresse constitue un levier stratégique. La vigueur germinative, soutenue par une germination rapide, homogène et élevée dans des conditions environnementales variées, est un caractère complexe influencé par l'environnement et le génotype, et dont l'architecture génétique reste encore mal élucidée.

Cette étude vise à décrypter les bases génétiques de la vigueur germinative chez le colza en condition de déficit hydrique. Une population de 192 accessions de colza (125 «hiver», 44 «printemps» et 23 «semi-hiver») a été phénotypée sur la plateforme automatisée PHENOTIC du GEVES durant 120 heures d'imbibition à -0,5 MPa dans une solution de PEG. Les traits mesurés incluent la vitesse de germination (temps de première germination, temps moyen, temps pour atteindre 20 % ou 50 % de germination, pente de la cinétique de germination) et la capacité germinative (aire sous la courbe, taux et homogénéité de germination).

Les résultats révèlent une différenciation phénotypique marquée entre les types. Les génotypes de printemps présentent une germination plus tardive, les «hivers» une levée rapide et élevée, tandis que les «semi-hiver» montrent des performances intermédiaires et un bon taux de germination à 36h. Une analyse génétique (GWAS) a permis d'identifier 59 QTL impliqués dans les traits de germination, majoritairement localisés sur le sous-génome A. Certains loci sont spécifiques à la vitesse ou à la capacité de germination, d'autres influencent les deux traits.

Ces résultats offrent de nouvelles perspectives pour améliorer l'implantation du colza par sélection génétique, en ciblant les génotypes adaptés aux conditions de semis contraignantes. Les travaux futurs viseront à identifier les gènes candidats sous-jacents aux QTL détectés et à évaluer les compromis entre vigueur germinative et d'autres traits du développement ou du rendement

Mots-clés : colza, vigueur germinative, stress hydrique, diversité génétique, QTL

Élicitation du métabolome des graines de tomate par des solutions de biocontrôle pour la protection des semences

Stéphanie Boutet¹, Tracy François¹, Céline Brosse¹, Delphine Sourdeval¹, Boris Collet¹, Loïc Rajjou¹, Massimiliano Corso¹

¹ Université Paris-Saclay, INRAE, AgroParisTech, Institut Jean-Pierre Bourgin for Plant Sciences (IJPB), 78000 Versailles, France

¹ Auteur principal: tracy.francois@inrae.fr

Le projet SeedBioProtect aborde la problématique du mode d'action et de l'efficacité des solutions de biocontrôle pour protéger les semences contre les bioagresseurs. Ces travaux, visent à décortiquer la réponse des graines de *Solanum lycopersicum* (tomate) issues de plantes-mères traitées par ces solutions pendant le développement/maturation et la germination aux échelles moléculaires (RNA-Seq) et métaboliques (LC-MS/MS) et ainsi comprendre les voies métaboliques stimulés par la graine pour lutter contre des bio-agresseurs, tout en gardant un haut potentiel de germination et de croissance.

Des analyses métabolomiques non-ciblées par U-HPLC-ESI^{+/−}-Tof nous ont permis de détecter 1017 signaux (ou features) métaboliques « unique » pour les graines de tomate traitées selon 4 modalités : 1 contrôle (H₂O), 1 stimulateur de défense des plantes, 1 fongicide naturel de biocontrôle, 1 micro-organisme de biocontrôle. Parmi les catégories de métabolites annotées il y a des composés de la voie des phénylpropanoïdes, alcaloïdes et terpénoïdes connus pour avoir un rôle dans la réponse aux stress et/ou antioxydante. Les tests de statistiques multivariés (clustering hiérarchique, ACP, ANOVA) ont permis d'identifier un grand nombre des métabolites (56% du total) modulés par les traitements utilisés. Des données transcriptomiques (RNA-Seq) et du microbiote (metabarcoding) des graines traitées avec ces stimulateurs des plantes et ces produits de biocontrôle seront intégrées aux résultats des analyses métabolomiques.

Cette étude permettra d'identifier des voies métaboliques qui jouent un rôle dans la réponse des graines aux bioagresseurs et de développer des outils d'évaluation robustes sur l'efficacité des solutions de biocontrôle pour la protection des semences.

Transcriptomic responses to single and repeated heat stress in oilseed rape (*Brassica napus* L.)

Kougiteas L.¹, Berger A.^{3,4}, Soriano A.^{3,4}, Dupas Q.¹, Fremont J.¹, Bernay B.², Terrier N.⁴, Granier C.⁴, Avice J.-C.¹, Brunel-Muguet S.¹

1 Normandie Universite, UNICAEN, INRAE, UMR 950 Ecophysiologie Vegetale, Agronomie et Nutritions N, C, S, SFR Normandie Vegetal (FED 4277), Esplanade de la Paix, CS14032, 14032, Caen Cedex 5, France

2 Normandie Univ, UNICAEN, US EMerode, Plateform Proteogen, 14000, Caen, France

3 CIRAD, UMR AGAP Institut, Montpellier, France

4 UMR AGAP Institut, Univ Montpellier, CIRAD, INRAE, Institut Agro, Montpellier, France

¹ Presenting author: Kougiteas Leonidas

In the light of climate change projections, heatwave events are expected to be more intense, last longer and occur more frequently (IPCC. 2021). Elevated temperatures severely affect plant performances in oilseed rape (Magno et al. 2021, 2022), and lead to changes at the transcriptome level (Jedličková et al. 2023). It is well established that an initial stress exposure can influence the response to subsequent stress through the storage and retrieval of stress-induced information, a phenomenon known as ‘stress memory’ (Crisp et al. 2016; Lamke and Baurle 2017), potentially leading to stress acclimation (Gallusci et al. 2023). Nevertheless, little is known about the features of stress sequences, and particularly the period between two stress events that induce “acquired thermotolerance”. In our study we conducted a controlled-environment experiment on *Brassica napus* (cv. Aviso) under three stress recurring scenarios that differed in the time interval between the first stress (mild) and the second stress (heat peaks) to answer the following questions: a) What are the differences in gene expression following one isolated heat stress or recurring stresses ? b) Are there genes whose expression is maintained between two stress events i.e. during the recovery phase? c) Are there memory genes that can affect the plant’s responses in either a positive or negative manner ? Due to the indeterminate growth pattern, leading to co-occurrence of flowers, developing and maturing pods during the stress, the plants were divided into three pod cohorts at the maturation stage, when the heat stress were applied at GS72 (i.e. 20% fully developed pods) to avoid any plant age effect. Pods were harvested at different timing over the heat stress periods and separated in order to collect material for RNAseq analysis of seeds and pericarps. Sequencing was performed using Illumina technology, with reads aligned to the *Brassica napus* (Darmor-bzh) genome. Differential expression analysis was performed using DIANE (<https://bmcbgenomics.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12864-021-07659-2>) (FDR $\leq$ 0.05 and $|\text{Log}_2 \text{ Fold Change}| \geq 0.5$). Therefore, we postulate that genes related to heat stress will be identified at key points of the heat sequences, and will be recognised as memory genes.

Elucidation of the response to abiotic stresses in different tissues of *Camelina sativa* seeds using multiomic and functional genomic approaches

Mélissa Sancharme¹, Céline Brosse¹, Stéphanie Boutet¹, Frederic Capel², Eric Lacroux³, Jean-François Fabre³, Romain Valentin³, Loïc Lepiniec¹, Hayat Bouteau¹, Bertrand Dubreucq¹, Loïc Rajjou¹, Massimiliano Corso¹

¹ INRAE, Institut Jean-Pierre Bourgin (IJPB), 78000 Versailles, France

² UMR1019 Unité de Nutrition Humaine (UNH), INRAE, Université Clermont Auvergne, Clermont-Ferrand, France

³ Laboratoire de Chimie Agro-Industrielle (LCA), Université de Toulouse, INRAE, INPT, 31030 Toulouse, France

¹ Mélissa Sancharme: melissa.sancharme@inrae.fr

In the context of climate change and population growth, abiotic stresses such as drought and elevated temperatures, together with nitrogen and sulfur deficiencies, are major factors that limit agricultural productivity and seed quality. *Camelina sativa* is an oilseed Brassiaceae species that exhibits both excellent agronomic traits and strong potential for food and industrial applications.

In the context of the OLEOPROTID project (France 2030), three *C. sativa* genotypes were cultivated under unstressed (control) conditions, or subjected to abiotic (drought, heat or both) or nutritional (nitrogen and/or sulphur deficiencies). A pluridisciplinary approach involving plant physiology, multiomic techniques (ionomics, metabolomics, and proteomics, including the study of post-translational modifications), and functional genomics is being employed. For example, untargeted metabolomic (LC-MS/MS) analyses were performed on distinct seed tissues (mucilage, seed coat and embryo) to characterize the diversity of specialized metabolites, their tissue distribution, and their regulation in response to stress. Complementary analyses of protein and fatty acid composition are currently ongoing. In parallel, CRISPR-Cas9 mutants for genes affecting protein synthesis, compositions and availability, including those involved in the production of antinutritional metabolites, will be produced and/or functionally characterized.

Physiological results and germination tests demonstrated significant variations among the genotype. The quantity of seeds per plant was measured, and the weight of the seeds was determined. The mass of the seeds harvested differed for two genotypes under different nutritional stresses. Drought stress has been demonstrated to result in the production of heavier, and consequently larger, seeds. Preliminary results reveal genotype-dependent responses and a significant impact of stress treatments on the metabolic profiles of seed tissues. Certain metabolite classes, notably glucosinolates and flavonoids, show distinct accumulation patterns depending on tissue type and the nature of the applied stress.

Développement de variétés de soja adaptées au semis précoce et besoins alimentaires par la création de nouvelles ressources génétiques

Guillaume Brûlé¹, Martine Neveu¹, Joseph Ly Vu¹, Thomas Pinna², David Lalanne¹, Olivier Leprince¹, Gabriela Adam², Marion Dalmais², Julia Buitink¹

¹*Institut Agro, Univ Angers, INRAE, IRHS, SFR 4207 QuaSav, Angers, France*

²*INRAE UMR 1403, Institute of Plant Sciences Paris-Saclay, Gif-sur-Yvette, France*

¹ Auteur principal: guillaume.brule@inrae.fr

Étant donné leur capacité à fixer l'azote atmosphérique, le développement de la culture des légumineuses est essentiel à la transition agro-écologique. Le soja est une source importante de protéines pour l'alimentation animale et humaine. La France en importe massivement car elle n'est pas auto-suffisante en graines produites localement. Pour réduire cette dépendance et assurer les prévisions de croissance en surface de culture, il est nécessaire de créer des variétés non GM adaptées aux climats européens (variétés précoces, MG00-000) qui favoriseront l'expansion vers le nord tout en répondant aux futurs besoins alimentaires. Pour cela, le projet PlantAlliance SOYADAPT met en œuvre une stratégie innovante de génétique inverse fondée sur le TILLING (Targeting Induced Local Lesions in Genomes). Cette méthode permet d'introduire une diversité mutagène ciblée dans un fond génétique déjà adapté aux cultures européennes, en vue d'identifier de nouveaux allèles fonctionnels. Dans la suite du projet, le criblage des populations générées a ciblé des gènes candidats impliqués dans la tolérance au froid au semis et la modulation spécifique d'organes de la teneur en isoflavones. Les isoflavones sont des composés phénoliques présent en grande quantité dans la graine. Elles sont reconnues pour leur potentiel antioxydant et leur rôle de défense contre les agents pathogènes et leur contribution dans la symbiose avec les rhizobiums. Cependant, pour des raisons de qualité nutritive des graines, l'industrie agro-alimentaire exige de faibles quantités d'isoflavones dans les cotylédons. Certains facteurs de transcription MYB sont connus pour la régulation de la synthèse des isoflavones. Ici, nous avons mis en évidence que leur expression est dépendante du type d'organe et stade de développement. Les analyses sont en cours afin de tester si des mutations de ces gènes engendrent des défauts d'expression spatio-temporelle de ces deux MYB et ainsi affecter de manière différentielle la teneur en isoflavones dans les cotylédons et l'axe embryonnaire. Les graines seront analysées par HPLC pour identifier des différences de teneur et composition des isoflavones. Les perspectives offertes par cette collection et son exploitation en génétique inverse, d'abord dans le cadre de ce projet, puis plus largement sont très importantes scientifiquement et économiquement parlant.

AlinOVeg : Caractérisation de la fraction protéique de graines de légumineuses et des propriétés fonctionnelles de leur isolat

Delphine Carretero¹, Valérie Beaumal¹, Marc Anton¹, Alain Riaublanc¹, Catherine Garnier¹, Jérôme Auzanneau², Matthieu Floriot³, Olivier Gardet⁴

1 INRAE, UR BIA, F-44316 Nantes, France

2 Agri-Obtentions, F-78280 Guyancourt, France

3 Agri-Obtentions, F-78660 Orsonville, France

4 Agri-Obtentions, F-63100 Clermont-Ferrand, France

¹ Auteur principal : delphine.carretero@inrae.fr

Dans un contexte de transition vers des systèmes alimentaires plus durables, le projet AlinOVeg* vise à développer une filière française de protéines végétales, notamment à partir du pois et de la féverole, ainsi que de nouveaux produits plus sains et plus durables pour la consommation humaine et les préparations culinaires. Porté par un consortium pluridisciplinaire, ce projet explore de nouvelles voies pour optimiser la valorisation des légumineuses tout en répondant aux attentes des consommateurs et aux enjeux environnementaux. Le projet s'appuie sur des caractérisations à différentes échelles des productions végétales, des matières premières jusqu'aux produits finis.

Dans ce contexte, l'objectif de cette étude est de caractériser la fraction protéique des graines de légumineuses et d'étudier les propriétés fonctionnelles de leur isolat. À partir d'une population de près de 1000 échantillons de pois et féveroles, maximisant la variabilité génétique et issus de différentes parcelles et années de récolte, nous avons quantifié leurs teneurs en protéines par la méthode Dumas et leurs compositions protéiques par électrophorèse SDS-PAGE. Les échantillons ont été analysés en parallèle par spectroscopie proche infrarouge (NIRS) et par spectroscopie de fluorescence 3D. Les analyses statistiques des premiers résultats obtenus ont permis de faire ressortir plusieurs clusters à partir desquels nous avons sélectionné plusieurs génotypes représentatifs qui ont servi à produire des isolats pour l'étude de leurs propriétés gélifiantes et émulsifiantes.

Cette caractérisation permet d'établir des liens entre génétique, structure et fonctionnalités. Les techniques utilisées ainsi que les premiers résultats de cette étude seront présentés.

*Projet financé par le gouvernement dans le cadre de France 2030 et financé par l'Union européenne – Next Generation EU– dans le cadre du plan France Relance

Effet du réchauffement climatique sur le grain de blé et la stabilité de la qualité boulangère - Projet CLIMABOUL (CLimat et quAlité BOULangère)

Anne-Laure Chateigner-Boutin¹, Laila Rodrigues De Araujo Alves Cruz^{1,2}, Baptiste Vancostenoble³, Benoît Méléard³, Christine Girousse², Catherine Rave², Valérie Lullien-Pellerin⁴, Luc Saulnier¹, Jacques Le Gouis²

1 UR INRAE BIA Nantes

2 UMR INRAE Université Clermont-Auvergne GDEC Clermont-Ferrand

3 Arvalis Institut du Végétal

4 IATE, Univ Montpellier, INRAE, Institut Agro, Montpellier

Et les partenaires INRAE UE PHACC, Agri Obtentions, Limagrain, KWS Momont Recherche, Florimond-Desprez, Lemaire-Deffontaines, UniSigma, DSV France, Syngenta, ASUR Plant Breeding

¹ Auteur principal : anne-laure.chateigner-boutin@inrae.fr

Le blé est essentiel pour l'alimentation humaine et animale et la demande augmente en raison de l'accroissement de la population mondiale. Sa production est confrontée à plusieurs défis, notamment l'impact du changement climatique qui entraîne une instabilité du rendement et de la qualité des grains, la demande sociétale de réduction des engrais et pesticides et les perturbations géopolitiques touchant des pays producteurs et exportateurs. La France est un acteur majeur de la production de blé dont la moitié est destinée à l'export. L'instabilité du rendement et de la qualité de la production, est une préoccupation majeure pour les producteurs et les industriels de la transformation du blé.

Le GIEC prévoit une aggravation du changement climatique, notamment une augmentation significative de la température moyenne et des vagues de chaleur plus fréquentes pendant les périodes cruciales de la culture du blé, en particulier pendant la phase de remplissage des grains. Il est donc essentiel d'améliorer nos connaissances sur les effets du changement climatique sur la qualité du grain de blé.

Le projet ClimaBoul a pour objectif d'étudier les effets de stress thermiques post-floraison à plusieurs stades de développement des grains sur leur structure, leur composition et leur qualité boulangère. Pour cela, un panel de variétés contrasté sur la stabilité de la qualité boulangère a été constitué après analyse des données de panification des essais d'inscription au catalogue variétal, et des essais post-inscription conduits sur 20 ans. Les variétés sont cultivées en dispositifs contrôlés (chambres de culture avec ou sans stress thermique), semi-contrôlés (avec ou sans tentes et tunnels sur microparcelles pour augmenter la température par effet de serre) et au champ dans différentes localisations sur 3 années. Les grains récoltés sont analysés en termes de rendement, dimensions, dureté, aptitude au broyage, et composition biochimique. Après mouture, l'effet des stress thermiques sur la composition et les propriétés fonctionnelles des farines (capacité d'absorption d'eau, indice d'élasticité, viscosité...) sera évalué par différents tests dont le test de panification normé.

Ce projet permettra de mieux comprendre l'impact d'une élévation de la température à différentes périodes post-floraison sur le grain et la qualité boulangère du blé et d'identifier des indicateurs de la stabilité de la qualité qui pourront être utilisés en sélection.

Ce projet est financé par le Fond de Soutien à l'Obtention Végétale, INRAE et Clermont Métropole pour la thèse de Laila Rodrigues De Araujo Alves Cruz.

Impact de différentes farines de légumineuses sur les qualités culinaires de pâtes brisées : une approche conceptuelle de la recette gastronomique au modèle alimentaire

*Lorène Akissoé¹, Céline Brasse¹, Isabelle Maitre¹, Brice Guerin², Guillaume Piva³, Ronan Symoneaux¹ et Marie Dufrechou^{*1}*

¹ USC 1422 GRAPPE, L'Ecole Supérieure des Agricultures, INRAE, SFR 4207 QUASAV, 55 rue Rabelais, BP 30748, 49007 Angers Cedex 01, France.

² CCI Maine-et-Loire Formation, 8 Bd du Roi René, 49006 Angers, France

³ USC 1432 LEVA, L'Ecole Supérieure d'Agricultures (ESA), INRAE, SFR 4207 QUASAV, 55 rue Rabelais, 49007, Angers, France

^{*}m.dufrechou@groupe-esa.com

En Europe, la consommation de légumineuses reste en dessous des niveaux recommandés. Afin de faciliter leur intégration, il est indispensable d'apporter une valeur ajoutée aux légumineuses par une valorisation gastronomique.

Dans cette étude, nous avons sélectionné la pâte brisée comme modèle alimentaire, qui est un composant clé des recettes gastronomiques. En se basant sur une recette gastronomique réalisée par les chefs, une simplification en modèle alimentaire a été proposée afin de mettre en avant les caractéristiques culinaires (compositionnelles, fonctionnelles et sensorielles) des légumineuses. Les objectifs ont été i) d'évaluer l'adéquation des farines obtenues à partir de légumineuses non traitées ou traitées thermiquement en tant que substituts à la farine de blé dans les recettes de pâte brisée ii) d'évaluer l'impact de l'utilisation de ces farines de légumineuses dans un produit fini (pâte brisée en tant que modèle alimentaire) en se concentrant sur les qualités culinaires définies par les propriétés texturales et les attributs sensoriels.

Cinq espèces de légumineuses locales de l'ouest de la France (haricots blancs et rouges, pois chiches, lentilles vertes et lupin) non traitées ou traitées thermiquement et transformées en farines ont été utilisées. La composition et les propriétés fonctionnelles des farines ont été évaluées, ainsi que la texture de la pâte avant cuisson et les qualités texturales et sensorielles finales des pâtes brisées. La farine de blé a été utilisée en tant que référence pour cette étude.

Les résultats montrent que les farines diffèrent significativement en termes de composition, capacité d'absorption d'eau/huile, taille des particules et couleur (p -value < 0,05) impactant les qualités culinaires des différentes pâtes brisées à base de légumineuses. La teneur en fibres est positivement corrélée à la capacité d'absorption d'eau de la farine ainsi qu'à la fermeté de la pâte, ce qui confère aux pâtes brisées une texture plus friable. L'utilisation de farines issues de légumineuses traitées thermiquement diminue considérablement la fermeté des pâtes brisées, un résultat corroboré par une analyse sensorielle. L'amertume est également diminuée.

L'utilisation de modèles alimentaires pour prédire la qualité des aliments semble être un bon moyen d'explorer le potentiel culinaire des différentes légumineuses afin d'orienter au mieux leur usage.

Effects of considering nutrient density and protein quality in comparative LCA of pulses and other protein-rich foods

Axel Falchetti-Cartier^{1,2}, Pierre Picouet¹, Cécile Grémy-Gros^{1,3}, Sylvie Dauguet²

¹ GRAPPE, ESA, USC n°1422, INRAE, Angers, France

² Terres Inovia, Pessac, France

³ LARIS (EA 7315), Université d'Angers, Angers, France

¹ Presenting author: a.falchetti-cartier@groupe-esa.com / a.fcartier@terresinovia.fr

Pulses have attracted growing attention due to the numerous qualities they combine. They are nutritious, protein-rich foods and provide valuable ecosystem services at the agricultural stage such as nitrogen fixation, which naturally translate into an alleviated environmental burden as notably shown by Life Cycle Assessments (LCA) studies.

However, foods differ in both nutritional composition and protein quality. Therefore, the commonly used functional unit “1 kg of food” is questionable to evaluate the environmental benefits of potential diet substitutions, as food mass is not necessarily indicative of nutritional value.

The objective of this study is to evaluate the importance of expressing nutritional functionality as precisely as possible when comparing the environmental impacts of pulses with other foods.

Environmental impacts of studied food products were assessed using the LCA method and the AGRIBALYSE methodology framework. Nutritional data were preferably drawn from French reference sources (CIQUAL, ANSES) when possible.

The NRprot7 index—a complex nutritional density metric incorporating protein quality and composition in other nutrients—was calculated for several ready-to-eat pulses derivatives and common animal protein sources. Selected food combinations were also included to explore the environmental efficiency of their nutritional complementarity.

The LCA results for all case studies were then recalculated using NRprot7 as the functional unit (n-LCA), in order to evaluate how this alternative approach may challenge conventional environmental impact rankings.

Pulses performed well in NRprot7 results comparison. Specifically, quality-corrected protein content of pulses was generally lower than that of animal products but approached it more closely when combined with selected complementary plant-based foods. Accounting for other nutrients beyond just protein also allowed the other nutritional strengths of pulses to contribute to a good NRprot7 value.

Ultimately, the n-LCA results showed that although protein quality is worth mentioning when criticizing the comparison of LCA results between pulses and animal products, taking it into account (as well as other valuable nutrients) does not change the rankings very much and thus still highlights the environmental efficiency of pulses.

However, it can be argued that the NRprot7 has its limitations. Therefore, methodological modifications of the formula will also be tested to address them.

Green, A., Nemecek, T., & Mathys, A. (2023). A proposed framework to develop nutrient profiling algorithms for assessments of sustainable food : The metrics and their assumptions matter. *The International Journal of Life Cycle Assessment*, 28(10), 1326-1347. <https://doi.org/10.1007/s11367-023-02210-9>

Green, A., Blattmann, C., Chen, C., & Mathys, A. (2022). The role of alternative proteins and future foods in sustainable and contextually-adapted flexitarian diets. *Trends in Food Science & Technology*, 124, 250-258. <https://doi.org/10.1016/j.tifs.2022.03.026>

Explorer les blés anciens pour mieux comprendre la relation entre contenu en polysaccharides et morphologie du grain

Mathilde Francin-Allami¹, David Legland^{1,2}, Axelle Boudier¹, Sabine Martin³, Lucie Le-Bot¹, Sylvie Durand¹, Léna Brionne¹, Amélie Bresson³, Clément Debiton³, Camille Alvarado^{1,2}, Angelina D'orlando^{1,2}, Xavier Falourd^{1,2}, Richard Sibout¹, Christine Girousse³, Catherine Ravel³, Anne-Laure Chateigner-Boutin¹

1 INRAE, UR BIA, 44316 Nantes, France.

2 INRAE, PROBE Research Infrastructure, BIBS Facility, 44316 Nantes, France.

3 INRAE, Université Clermont-Auvergne, UMR GDEC, 63000 Clermont-Ferrand, France.

¹ Auteur principal: mathilde.francin-allami@inrae.fr

La qualité technologique et nutritionnelle sont deux aspects très importants de la recherche sur le blé. L'objectif des pouvoirs publics est d'adapter l'équilibre des polysaccharides des grains afin de répondre aux exigences nutritionnelles actuelles - teneur maîtrisée en polysaccharides facilement hydrolysables (amidon) et augmentation de la teneur en fibres - tout en s'adaptant aux besoins technologiques de transformation des grains. Parmi les fibres, les β -glucanes mixtes sont à prendre en considération pour leurs bénéfices en santé humaine, et aussi parce que leur teneur semble être inversement proportionnelle à celle de l'amidon. D'autre part, la configuration morphologique des grains, très probablement en lien avec leur composition en polysaccharides, est un critère important à prendre en compte pour la transformation, notamment pendant la mouture où la forme du grain peut influencer le rendement en farine.

La domestication des blés et la mécanisation des procédés de transformation a conduit à uniformiser les espèces tant génétiquement que morphologiquement, ce qui pose des difficultés pour l'amélioration et l'adaptation de cette céréale aux nouvelles exigences économiques et nutritionnelles. Les blés anciens pourraient apporter de nouvelles sources de variabilité génétique, compositionnelle, et morphologique aux blés contemporains. Dans ce contexte, nous proposons d'explorer cette variabilité et déterminer de potentielles corrélations entre les teneurs en amidon et en β -glucanes mixtes, ainsi qu'une possible relation directe entre la composition en polysaccharides et la morphologie des grains de céréales.

Un continuum d'espèces de blé allant du pool sauvage au pool domestiqué a été sélectionné pour conduire à une large diversité pour les caractères ciblés (critères morphologiques et de composition polysaccharidique du grain). Les paramètres morphométriques (dimensions et forme du grain, épaisseur des enveloppes, taille des cellules et des granules d'amidon) sont en cours de détermination, via des techniques d'imagerie (micro-tomographie aux rayons X et microscopie électronique à balayage) et d'analyse d'images. Parallèlement, les compositions et structures des polysaccharides sont analysées par biochimie et spectroscopie IR et RMN. Une analyse multivariée sera ensuite conduite pour établir de possibles corrélations entre l'ensemble de ces données obtenues à partir des différentes espèces de blé « anciens » et « modernes ».

Qualité nutritionnelle des farines de féverole et de cosses de pois pour l'évaluation de leur potentiel d'intégration dans l'alimentation

Khaoula Ben Said ^{1,2}, [Amel Hedhili](mailto:a.hedhili@groupe-esa.com) ^{3*}, Sihem Bellagha ², Hela Gliguem ², and Marie Dufrechou ³

¹ Higher School of Food Industries, University of Carthage, 58, Street of Alain Savary, Tunis 1003, Tunisia

² Valorization of Tunisian Natural Resources and Food Heritage Through Innovation, Research Unit PATIO,

UR17AGR01, National Institute of Agronomy of Tunisia, University of Carthage, Tunis 1082, Tunisia; sihem.bellagha@inat.ucar.tn (S.B.); hela.gliguem@inat.ucar.tn (H.G.)

³ USC 1422 GRAPPE, L'Ecole Supérieure des Agricultures (ESA), INRAE, SFR QUASAV, 55 rue Rabelais, 49007 Angers, France

* a.hedhili@groupe-esa.com

Les légumineuses ont été identifiées comme un élément clé de l'innovation alimentaire et sont d'excellents candidats pour assurer la durabilité des systèmes alimentaires. Cependant, certaines légumineuses, telles que les féveroles, et certains co-produits de légumineuses, tels que les cosses de petits pois, sont principalement utilisés dans l'alimentation animale et très peu exploités et valorisés dans l'alimentation humaine. Cette étude se concentre sur deux matières premières : les farines de féverole avec et sans traitement thermiquement (réalisé à 80, 120, 150 et 180 °C pendant 30 minutes) et la farine de cosses de petits pois. La composition, la qualité nutritionnelle (digestibilité in vitro des protéines, facteurs antinutritionnels) ainsi que les propriétés fonctionnelles (capacité d'absorption de l'eau et de l'huile) ont été évalués. Pour la farine de cosses de petits pois, les résultats ont montré une teneur très intéressante en protéines (12,13 %) et en fibres insolubles (37,45 %), ainsi que des quantités intéressantes en minéraux, principalement de calcium, de potassium, de magnésium, de manganèse et de fer. Pour les farines de féveroles testées, le traitement thermique n'a pas affecté de manière significative les teneurs en protéines, en cendres, en amidon et en matières grasses. Cependant, le traitement thermique a réduit de manière significative la teneur en fibres insolubles (environ 30 % à 180°C), les facteurs antinutritionnels tels que l'acide phytique, les tanins et les inhibiteurs de trypsine des fèves traitées. Ce traitement a également amélioré progressivement la digestibilité in vitro des protéines de 7,7 %. En ce qui concerne les propriétés fonctionnelles, le traitement thermique a un impact significatif sur la capacité d'absorption de l'eau ; en revanche, la capacité d'absorption de l'huile n'a pas été modifiée. En conclusion, les farines de féverole et de cosses de petits pois présentent un potentiel nutritionnel et fonctionnel intéressant en tant que nouveaux ingrédients dans l'industrie alimentaire, s'alignant ainsi sur les objectifs de durabilité et d'amélioration de la nutrition et de la santé publique.

Conditions pédoclimatiques, pratiques culturales et qualité des graines de lentille Anicia : une étude participative pour l'amélioration variétale

*Guilhem MAILLARD^{1,2}, Nadim TAYEH³, Guy DELLA VALLE¹, Anne-Laure CHATEIGNER-BOUTIN¹ et
Sophie LE GALL^{1,2}*

1 INRAE, UR1268 BIA, F-44300 Nantes, France

2 INRAE, PROBE research infrastructure, BIBS facility, F-44300 Nantes, France

3 INRAE, UMR1347 Agroécologie, F-21000 Dijon, France

¹ Auteur principal: sophie.le-gall@inrae.fr

Cette étude s'inscrit dans un contexte de transition agricole visant à diversifier les sources de protéines végétales face à la réduction de la consommation de protéines animales. L'objectif principal du projet LENTILS (INRAE, 2023-2025) est d'identifier les mécanismes responsables de la perte de texture lors de la cuisson et de l'appertisation, ainsi que d'analyser l'impact des conditions de production sur leur qualité.

Les lentilles, malgré leur haute valeur nutritionnelle, rencontrent des défis de production et de transformation. En particulier, les lentilles vertes cultivées en France présentent des problèmes de texture lors de la mise en conserve, obligeant les industriels à s'approvisionner à l'étranger (Chine, Canada). La variabilité du rendement, liée aux conditions pédoclimatiques, accroît les contraintes des agriculteurs.

Dans ce cadre, nous avons étudié l'impact des conditions pédoclimatiques et des pratiques culturales sur la qualité technologique des lentilles, var. Anicia, cultivées en France.

À partir de 33 lots de lentilles collectés en 2023 auprès d'agriculteurs et de coopératives, nous avons mis en évidence le rôle des compartiments de la graine (cotylédons vs tégument) et de ses constituants biochimiques (protéines, amidon, polysaccharides, tannins, RFO) sur les propriétés technologiques (temps caractéristique de cuisson, homogénéité des lots, fermeté et aspect après appertisation). Les résultats montrent également que la texture du sol, le climat et les pratiques culturales influencent la composition biochimique et leur qualité.

Ces résultats fournissent des pistes pour guider la sélection variétale, afin de répondre aux attentes des agriculteurs et des industriels de la transformation pour des lentilles françaises de qualité, et donc des consommateurs.

Impact des procédés de fractionnement par voie sèche sur la composition et les propriétés techno-fonctionnelles de produits protéiques issus de lentilles

Odile MESIERES¹, Sophie BEAUBIER¹, Sara ALBE-SLABI², Véronique SADTLER¹ et Romain KAPEL¹

¹Université de Lorraine, CNRS, LRGP, 54000 Nancy, France

²Avril, 75008 Paris, France

Odile Mesieres : odile.mesieres@univ-lorraine.fr

Les lentilles (*Lens culinaris*) représentent une source importante de protéines végétales, avec une teneur comprise entre 20,6 % et 31,4 % (p/p). Elles constituent une alternative pertinente aux protéines d'origine animale tant sur le plan nutritionnel qu'environnemental. Classiquement, les ingrédients protéiques issus des légumineuses sont obtenus par des procédés de fractionnement en voie humide, permettant d'atteindre des teneurs protéiques supérieures à 90 % (p/p). Ces isolats présentent de bonnes propriétés fonctionnelles et de faibles teneurs en facteurs antinutritionnels (FANs), mais leur production a un impact environnemental élevé, et n'est pas toujours industrialisable. Les procédés de fractionnement par voie sèche apparaissent donc comme une alternative plus durable.

Dans cette étude, trois procédés de fractionnement en voie sèche ont été évalués : le décortilage, l'extrusion et la classification à l'air, en analysant leur impact sur la composition et les propriétés fonctionnelles des ingrédients de lentilles. Le décortilage, utilisé comme prétraitement, a peu modifié la composition globale mais a permis une réduction significative des composés phénoliques (de 0,6 à 0,07 % p/p) et des tanins (de 0,55 à 0,04 % p/p). L'extrusion, réalisée à 160 °C, a réduit les composés thermolabiles : les saponines de 70 % et les inhibiteurs trypsiques de 85 %, sans altérer la teneur en protéines (29 % p/p). De plus, elle a amélioré leur capacité de gélification, avec des concentrations minimales de gélification de 2,7 % et 5,27 % (p/v), mais a diminué fortement la solubilité des protéines à pH 7 (23 % contre 80 % (p/v) pour les lentilles décortiquées). La classification à l'air a permis de concentrer les protéines jusqu'à 59 % (p/p), mais a augmenté la teneur en FANs, comme les alpha-galactosides (de 3,8 % à 7,5 % p/p).

Ces procédés modifient efficacement la composition et les fonctionnalités des lentilles, mais restent limités pour éliminer les FANs. Une combinaison innovante de procédés par voies sèche puis humide a permis un enrichissement relatif en protéines d'environ 18 % et une réduction des antinutritionnels. Ce nouveau procédé, en cours d'évaluation fonctionnelle, apparaît prometteur pour développer des produits protéiques adaptés aux applications alimentaires, avec un impact environnemental réduit.

Prédiction des propriétés fonctionnelles de graines de lentilles par la spectroscopie proche infra rouge

F. MZE HAMADI¹, G. DELLA VALLE¹, S. LE GALL¹, P. PICOUE², M. DUFRECHOU²

¹UR 1268 BIA INRAE, Nantes, France

² USC 1422 GRAPPE, INRAE, L'Ecole Supérieure des Agricultures, SFR 4207 QUASAV, 55 rue Rabelais, BP 30748, 49007 Angers Cedex 01, France

¹ Auteur principal : faidat.mze-hamadi@inrae.fr

La qualité des légumineuses à graines est souvent évaluée selon des critères tels que leur teneur en protéines. Cette approche limite leur valorisation, notamment en négligeant des critères fonctionnels, essentiels pour l'industrie de transformation. Valoriser les légumineuses à graines implique de pouvoir les orienter selon leurs propriétés fonctionnelles, qui influencent les caractéristiques des produits transformés. La spectroscopie proche infrarouge (NIRS) est une méthode rapide et non-destructive, capable de prédire la composition biochimique des graines. Cette présentation évalue la faisabilité d'utiliser la spectroscopie NIR sur des graines de lentilles pour prédire indirectement certaines propriétés fonctionnelles. Dans cette optique, dix lots de lentilles ont été analysés. Les spectres ont été collectés en réflectance sur la plage de longueurs d'onde allant de 1299 à 2602 nm, directement sur lit de graines brutes. Les mesures ont été réalisées avec un spectromètre portable, économique et accessible aux industriels (Nanoquest). Pour limiter l'effet de l'hétérogénéité des graines, huit répétitions ont été effectuées par lot. Les spectres ont ensuite été prétraités par la suppression de la ligne de base, correction multiplicative de la dispersion (MSC), et normalisation, afin de réduire le bruit. Les propriétés fonctionnelles ciblées étaient la capacité de rétention en eau, mesurée après 24 heures de trempage et après cuisson. Enfin, une régression par moindres carrés partiels (PLSR), réalisée sous R, a permis de modéliser les relations entre les données spectrales et ces propriétés.

Les résultats sont encourageants : le modèle prédictif pour la rétention en eau après trempage présente un coefficient de détermination (R^2) de 0,63 avec une erreur de prédiction de 4,32. Un modèle optimal a été obtenu après application d'une MSC et une normalisation sur la gamme spectrale de 1865 à 2020 nm.

Ces premiers résultats, obtenus sur 80 échantillons, confirment le potentiel de la spectroscopie NIR pour prédire rapidement les propriétés fonctionnelles des lentilles. L'enrichissement de la base de données avec plus de lots de lentilles visera à renforcer la robustesse des modèles, en vue d'une future classification par PLS-DA.

Cette étude est menée dans le cadre du projet ANR- JACK, qui a reçu le soutien de France 2030.

Applications inédites des solvants eutectiques naturels (NaDES) à l'osmoconditionnement (osmopriming) de graines récalcitrantes de colza

Antoine DAVID¹, Youcef HADDAD¹, Lucie PERCEVAULT¹, Anne-Marie DENIS¹, Emmanuelle LIMANTON², Frank JAMOIS³, Ludovic PAQUIN², Alain BOUCHEREAU¹

¹*IGEPP, INRAE, Institut Agro, Univ Rennes, 35653, Le Rheu, France*

²*Univ Rennes, CNRS, ISCR, UMR 6226, F-35000 Rennes, France*

³*Agrimer, 29880 Plouguerneau, France*

¹ Présentatrice : lucie.percevault@inrae.fr

L'amorçage germinatif des semences (priming) consiste en un pré-traitement visant à améliorer la qualité physiologique des graines la vitesse, l'uniformité et l'homogénéité de leur germination notamment en conditions environnementales difficiles. Ce procédé de réhydratation réversible très contrôlée des graines, permet d'activer le métabolisme pré-germinatif sans levée de dormance limitant ainsi le stress oxydatif généré durant les premiers stades de la germination. Les traitements à base d'eau (hydropriming), de solutions à activité hormonale (hormopriming) ou de solutions osmotiquement actives (osmopriming) à base de polyéthylène glycol (PEG) par exemple sont les plus utilisés. Cependant, ces techniques présentent certaines limites telles qu'une durée de priming courte difficile à contrôler, de faibles capacités de diffusion de l'oxygène et des risques de pollution. De nouvelles solutions plus durables peuvent être recherchées.

Les solvants eutectiques profonds naturels (NaDES) sont des mélanges d'au moins deux biomolécules capables d'échanger des liaisons à faible énergie. A la bonne stœchiométrie, ces mélanges présentent un abaissement profond de la température de fusion ce qui permet d'obtenir un liquide visqueux à température ambiante et dont le taux d'humidité peut être contrôlé. Des études suggèrent leur formation dans les tissus biologiques peu hydratés et des fonctions de protection des macromolécules durant la déshydratation ou de contrôle de la réhydratation. Ainsi, les propriétés hygroscopiques des NaDES pourraient contrôler la diffusion de l'eau dans les graines. L'objectif de ce travail a été de tester, pour la première fois, l'effet d'un pré-traitement à base de NaDES (DESmopriming), fabriqués à l'aide d'ingrédients naturels retrouvés dans les graines, et enrichis ou non en hormones, sur les propriétés germinatives de graines de colza récalcitrantes. Les résultats, comparés à ceux issus de traitements conventionnels, montrent que deux NaDES à base de saccharose améliorent très significativement la vitesse et l'homogénéité de germination selon les génotypes. Les caractéristiques de l'hydratation de graines ainsi que l'incidence du traitement sur leur métabolisme pré- et post-germination sont décrits et discutés.

Graines de Cameline comme source de protéines végétales : Extraction par voie aqueuse, composition et propriétés fonctionnelles

Hanitra Rabesona¹, V. Beaumal¹, H. Sotin², B. Novales^{1,3}, M. Anton¹ & C. Lopez¹

1 INRAE, UR BIA, F-44316, Nantes, France

2 INRAE, UR BIA, F-35653, Le Rheu, France

3 INRAE PROBE research infrastructure, BIBS Facility, F-44316, Nantes, France

Auteur principal: hanitra.rabesona@inrae.fr

La transition alimentaire, qui vise à réduire les impacts environnementaux et à produire des aliments sains et durables, nécessite une quantité importante de protéines végétales pour nourrir la population mondiale ainsi qu'une diversification des sources de protéines végétales. Encore peu explorée pour ses potentialités en alimentation humaine, la cameline est une plante avec un cycle de culture très court, qui peut être facilement cultivée et résistante au climat. Parmi les graines oléagineuses d'intérêt nutritionnel pour leur apport en acides gras $\omega 3$, la graine de cameline (*Camelina sativa* L.) contient également des protéines dont les propriétés fonctionnelles sont peu connues. De plus, les procédés technologiques classiques actuellement utilisés pour l'extraction d'huile des graines de cameline et de traitement des tourteaux pour en extraire les protéines peuvent nuire à la fonctionnalité des protéines en alimentation humaine.

L'objectif des travaux de recherche était de développer un procédé d'extraction par voie aqueuse des protéines et des corps lipidiques issus des graines de cameline, de caractériser leurs compositions et la capacité des protéines à stabiliser des émulsions huile-dans-eau sur une large gamme de pH [1,2]. La combinaison de méthodes physico-chimiques et d'observations microscopiques a été utilisée (électrophorèse, solubilité des protéines et potentiel zéta en fonction du pH, microscopie confocale).

Les protéines des graines de cameline, composées majoritairement de cruciférine (11S globuline) et de napine (2S albumine) contiennent les 9 acides aminés essentiels pour la nutrition humaine [2]. La solubilité de ces protéines est minimale entre pH 5.2 et pH 2, avec la précipitation des cruciférines [2]. Les gouttelettes d'émulsions sont préférentiellement stabilisées par la napine à l'interface huile/eau et sont physiquement instables sous pH 7 [2].

Ces résultats ouvrent des perspectives intéressantes sur le potentiel des protéines de graines de cameline obtenues par extraction aqueuse et qui pourraient servir d'ingrédients fonctionnels naturels d'origine végétale dans l'industrie agroalimentaire et contribuer au développement d'émulsions alimentaires végétales innovantes, saines et durables.

[1] Lopez C., ... , H. Rabesona et al. (2023) Oil Bodies from Chia (*Salvia hispanica* L.) and Camelina (*Camelina sativa* L.) Seeds for Innovative Food Applications: Microstructure, Composition and Physical Stability. *Foods*, 12, 211 ; <https://doi.org/10.3390/foods12010211>

[2] Lopez C., H. Rabesona et al. (2024) Exploring the biodiversity of plant proteins for sustainable foods: Composition and emulsifying properties of the proteins recovered by aqueous extraction from camelina (*Camelina sativa* L.) seeds. *Current Research in Food Science* 9:100922 ; <https://doi.org/10.1016/j.crfs.2024.100922>

Seed storage protein composition and glucosinolate content in rapeseed: towards the identification of genetic and molecular determinants

*Sophie Rolland*¹, *Véronique Solé-Jamault*², *Clémence Germain*¹, *Erwan Corlouer*¹, *Nathalie Marnet*²,
*Nathalie Nesi*¹

1. INRAE, UMR IGEPP, F- 35650 Le Rheu, France.

2. INRAE, UR BIA, F-44310 Nantes, France

Seed storage proteins of rapeseed consist of cruciferins (12S globulins) and napins (2S albumins), accounting for over 70% of total proteins. Napins are rich in sulphurous and aromatic amino acids, thus presenting a greater nutritional value than cruciferins. However, a number of studies have shown that modern grown rapeseed varieties, selected for their low erucic acid and glucosinolate contents in seeds, display a reduced napin content compared to the old varieties.

A genome wide association analysis previously identified eight genomic regions involved in both the regulation of napin and glucosinolate contents. These regions cover around 650 genes, six of which are known to play a role in sulfur metabolism.

Analyses were carried out using *Arabidopsis* mutant lines for each of these six genes to assess their impact on sulfur, 2S and 12S protein levels. The *Myb28* mutant lines showed a significant reduction in napin and glucosinolate contents, with no change in cruciferin content.

At the same time, using genetic and genomic resources in rapeseed enabled us to identify orthologs of the *Myb28* gene. In particular, we confirmed a 4 bp insertion in the *Myb28* gene located on chromosome C09, resulting in a truncated protein, and we identified a 28 kb deletion that occur only in the modern grown rapeseed varieties, leading to the loss of one of the *Myb28* copies. These polymorphisms could explain the differences observed between ancient and modern varieties in terms of napin content, and open up prospects for targeted genetic improvement of rapeseed protein quality.

Exudate Metabolic Profiling in *Brassica napus* Seeds: Impact of Genotype and Agronomic Practices

Sophie Rolland (1), Céline Brosse (2), Marianne Laurençon (1), Solenne Berardocco (1), Chandrodhay Saccaram (2), Tracy François (2), Loïc Rajjou (2), Massimiliano Corso (2), Nathalie Nesi (1)

(1) : IGEPP, INRAE, Institut Agro Rennes-Angers, Université de Rennes, 35650 Le Rheu, France

(2) : IJPB, INRAE, AgroParisTech, 78000 Versailles, France

¹ Presenting author: sophie.rolland@inrae.fr

Seed germination and plant emergence are critical processes for successful crop establishment. The spermosphere is defined as the zone surrounding the seeds where interactions between soil, micro-organisms and germinating seeds take place. Despite its importance for seed and early plant vigor, the spermosphere has received little attention to date. Our aim was to obtain metabolite profiling of seed exudates as a first step towards improving our knowledge of the spermosphere in oilseed rape.

For this purpose, seed exudates from ten winter oilseed rape accessions grown according under two different crop managements were analyzed by a combination of targeted and non-targeted metabolomics to determine their composition in primary and specialized metabolites. Metabolic profiling data were linked to seed quality and physiology variables, including imbibition and germination parameters.

To our knowledge, this dataset is the first description to provide such a detailed characterization of the metabolic profiles of seed exudates. Next steps will include the integration of seed microbiota during germination. All these results will contribute to a better understanding of seed germination and vigor processes, and pave the way for elucidation of the complex interactions between seed microorganisms and seed exudates.

Un réseau de SNPs impliqué dans la composition des protéines de réserve du grain chez le blé

Naoto SANO¹, Anne Plessis^{1,2}, Catherine Ravel¹, Pierre Martre³, Jacques Le Gouis¹

¹ Université Clermont Auvergne, INRAE, UMR1095 GDEC, 63000 Clermont-Ferrand, France

² School of Biological and Marine Sciences, University of Plymouth, Drake Circus, Plymouth PL4 8AA, UK

³ LEPSE, Univ Montpellier, INRAE, Institut Agro Montpellier, 34060 Montpellier, France

¹ Naoto SANO: naoto.sano@inrae.fr

La teneur et la composition en gluténines et gliadines, les deux principales protéines de réserve du grain (GSP) du blé tendre (*Triticum aestivum* L.), déterminent en grande partie la valeur technologique de la farine. Une étude d'association génétique préliminaire, basée sur une collection mondiale de blé cultivée dans trois environnements et seulement 1 040 marqueurs, a permis d'identifier, outre les gènes structuraux des GSP, plusieurs loci candidats impliqués dans la régulation trans, tels que des facteurs de transcription (Plessis et al., 2013). A partir des 26 traits liés à la composition des GSP phénotypés dans cette étude antérieure, nous avons réalisé une nouvelle GWAS multi-caractères en utilisant 187 974 SNPs issus de la puce de génotypage BreedWheat 420K, afin d'identifier de manière plus exhaustive les loci associés à la quantité des différentes classes/sous-unités de GSP.

Au total, 3 783 SNPs significativement associés à la composition des GSP ont été détectés par GWAS ciblée sur un trait unique. Les régions QTL sont majoritairement localisées sur les chromosomes 1A, 1B, 1D, 6A, 6B et 6D, en concordance avec la position des gènes structuraux des GSP, ce qui suggère que ces SNPs représentent des marqueurs pertinents. La GWAS multi-caractères a permis d'identifier 253 SNPs à effets importants et associés à plusieurs traits. L'analyse des effets d'épistasie entre ces «core-SNPs» a permis de construire un réseau SNP–SNP–trait, révélant plusieurs SNPs « hubs » impliqués dans de nombreux traits. Environ 300 gènes sont localisés à proximité de ces SNPs, et l'analyse d'enrichissement basée sur l'ontologie des gènes a confirmé l'implication forte des gènes de structure des GSP, et montre l'importance de la transcription et de la dynamique de la chromatine. Ces résultats indiquent que les «core-SNPs» se trouvent à proximité non seulement des gènes structuraux des GSP, mais aussi de gènes régulateurs de l'expression génique contrôlée au niveau transcriptionnel et par la dynamique de la chromatine.

Formation des grains de produits roulés : rôle des caractéristiques physico-chimiques des semoules de légumineuses comparées à celle du blé

Juliette Wind¹, Thierry Ruiz¹, Elodie Arnaud¹, Ingrid Collombel¹, Zoé Deuscher,¹ Eric Rondet¹

¹QualiSud, Université de Montpellier, Avignon Université, CIRAD, Institut Agro, IRD, Université de la Réunion, Montpellier, France.

Juliette WIND : juliette.wind@umontpellier.fr

L'augmentation de la consommation des graines de légumineuses est l'une des actions préconisées dans le cadre de la transition énergétique et de la souveraineté alimentaire en protéines à l'échelle nationale. Dans ce contexte, l'industrie agroalimentaire recherche une diversification de leur forme de consommation afin de proposer aux consommateurs des produits rapides à préparer et faciles à intégrer dans leur alimentation quotidienne. Parmi ces alternatives, les produits roulés de type couscous apparaissent comme une voie prometteuse, bénéficiant d'une excellente acceptabilité culturelle et d'un savoir-faire technique déjà bien établi pour le blé dur. Les mécanismes d'agglomération humide de la semoule de blé dur en couscous dans un mélangeur à faible taux de cisaillement, a fait l'objet de nombreuses études. En suivant ces étapes de formation des grains de couscous à base de semoule de blé à l'échelle laboratoire, nous proposons ici d'élaborer des grains de « couscous » à partir de deux légumineuses : le pois chiche et la fève, le blé dur servant de référence. L'agglomération humide est réalisée dans un bol planétaire de 4,8 L (KitchenAid) couplé à un fouet. Le mouillage à l'eau est effectué via une buse de pulvérisation de 0.5 mm de diamètre (Brumizeo) connectée à une pompe péristaltique (Masterflex L/S, Cole-Parmer). La forme finale des grains est ensuite obtenue par roulage dans un tambour rotatif asservi à un variateur de vitesse (Bonfiglioli Vectron). Les trois semoules utilisées pour la fabrication des « couscous » ont été soumises à des analyses chimiques et physiques, comparatives. Sur le plan chimique, les teneurs en amidons digestible et résistant, en eau, en lipides et protéines ont été déterminées. Leurs propriétés physiques ont également été évaluées, incluant les granulométries massiques et volumiques, ainsi que les densités réelles et apparentes. Les agglomérats obtenus à partir de chaque semoule après l'étape d'agglomération ont également été caractérisés par une représentation hydro-texturale et morpho granulométrique. Ces caractéristiques ont été évaluées de l'échelle des grains à l'échelle du lit d'agglomérats. Leurs variations en fonction de la teneur en eau à ces différentes échelles renseignent sur la phénoménologie qui conduit à la structuration des produits roulés. Ces résultats nous permettent de quantifier l'influence des propriétés physico chimique des trois semoules sur les mécanismes d'agglomération pour la conception de « couscous de légumineuses ».

Dessiccation simulée par compression osmotique : étude de l'agrégation des protéines de réserve.

Joëlle Davy¹, Véronique Solé-Jamault¹, Denis Renard¹, Pierre Roblin², Adeline Boire¹

1 INRAE, Unité BIA, 44316 Nantes

2 CNRS, Laboratoire de Génie Chimique, 31400 Toulouse

Auteur principal : adeline.boire@inrae.fr

Les protéines de réserve s'accumulent en grandes quantités dans les graines, représentant de 10 à 40% de la matière sèche, sous forme de phases denses qui assurent leur stabilité pendant la dormance. Lors de la maturation, ces phases passent d'un état dense et hydraté à un état sec, souvent vitreux. À la germination, elles se réhydratent et deviennent accessibles aux enzymes, fournissant les acides aminés nécessaires à la croissance des plantules. Toutefois, les changements de structure que subissent ces protéines pendant les phases de dessiccation et de réhydratation restent peu étudiés. Pourtant, leur état d'association dès la graine pourrait influencer leurs propriétés fonctionnelles, notamment lorsqu'elles sont utilisées comme ingrédients alimentaires.

Pour étudier ces transitions de manière contrôlée, nous avons développé une approche *in vitro* basée sur la compression osmotique. Cette méthode consiste à appliquer une pression osmotique, de 0,1 à 5 MPa, sur une suspension de protéines à travers une membrane de dialyse. Elle permet d'augmenter progressivement la concentration en protéines de façon contrôlée, simulant ainsi les effets de la déshydratation. Dans cette étude, nous avons utilisé la cruciférine, principale globuline de colza, comme protéine modèle. Nous avons suivi les changements structuraux induits par la compression osmotique grâce à la diffusion des rayons X aux petits angles (SAXS), qui nous renseigne sur l'organisation des protéines à différentes échelles. Nos résultats préliminaires montrent que la cruciférine se réorganise progressivement sous contrainte osmotique élevée, avec une réduction des distances entre particules et une tendance à former des structures ordonnées. Aucun signe d'agrégation irréversible n'a été observé, ce qui indique que ces changements sont réversibles. Cette approche ouvre la voie à une cartographie systématique du comportement de phase des protéines de réserve dans des conditions proches de celles rencontrées dans les graines. Dans le cadre du projet ANR MICROSEED nouvellement accepté, nous développerons une plateforme microfluidique permettant de mimer la compression osmotique et le séchage contrôlé à l'échelle de microgouttelettes, couplée à des analyses SAXS *in situ*. Cette méthodologie nous permettra de mieux comprendre comment les protéines végétales s'assemblent, changent d'état et réagissent à la déshydratation/réhydratation, que ce soit pendant le développement de la graine ou lors de procédés industriels impliquant séchage et réhydratation des ingrédients protéiques.

Morphogenèse de la graine : Décrypter la contribution de la réponse aux contraintes mécanique dans le contrôle de la croissance de la graine d'*Arabidopsis thaliana*

Jeanne BRAAT¹, Guillaume CERUTTI¹, Simone BOVIO¹ & Benoit LANDREIN¹

¹ Laboratoire Reproduction et Développement des Plantes, Université de Lyon, ENS de Lyon, UCB Lyon, CNRS, INRAE, INRIA, F-69342, Lyon, 69364 Cedex 07, France

¹ Jeanne BRAAT: jeanne.braat@ens-lyon.fr

La morphogenèse des graines repose sur des interactions mécaniques entre différents tissus, et est régulée par des signaux biochimiques et mécaniques. Ce processus dépend très fortement des propriétés des parois cellulaires des téguments de la graine, qui maintiennent l'intégrité mécanique de cet organe, tout en permettant sa croissance *via* des réorganisations moléculaires finement contrôlées. Bien que le rôle des signaux mécaniques dans le développement végétal soit de plus en plus reconnu, les mécanismes de perception et de transduction des contraintes mécaniques restent mal compris.

La graine d'*Arabidopsis thaliana* est un système modèle pertinent pour l'étude de ces mécanismes. Sa forme simple en ovoïde, et son organisation en trois compartiments distincts (embryon, albumen et tégument) en font un objet idéal pour analyser les interactions mécaniques entre tissus. Au cours des premiers stades de développement, la pression de turgescence de l'albumen, qui est le moteur de la croissance de la graine, met les cellules des téguments qui entourent la graine sous tension. Des modèles récents suggèrent que cette contrainte est perçue par certaines couches cellulaires de ces téguments, induisant des modifications structurales de leur paroi. Ces ajustements mécaniques influencent la taille et la forme finale de la graine, soulignant le rôle des contraintes mécaniques comme signaux morphogénétiques.

Mon projet vise à caractériser les réponses mécaniques des téguments afin de tester l'hypothèse que les différentes couches cellulaires des téguments présentent des réponses à la fois générales et spécifiques aux signaux mécaniques endogènes, et qui sont importantes pour le contrôle de la croissance de la graine. Pour explorer cette hypothèse, j'applique une approche intégrant des mesures biophysiques et de l'imagerie quantitative sur des graines se développant dans un système *in vitro*. Cette approche me permet, d'une part, de caractériser les réponses moléculaires des téguments à l'application de contraintes mécaniques, et d'autre part, de déterminer comment ces réponses affectent la croissance de la graine.

Ce projet interdisciplinaire éclaire les mécanismes fondamentaux de régulation de la taille des graines, un trait agronomique majeur influençant rendement, germination et vigueur des plantules.

Etude du rôle de la méthylation m6A sur le devenir des ARNm au cours de la germination des graines d'*Arabidopsis thaliana* en présence d'éthylène

Nicole CHAUMONT¹, Rana JURDAK¹, Christophe ANTONIEWSKI², Christophe BAILLY¹

¹ Sorbonne Université, UMR8263-Biologie des semences, 4 place Jussieu -75005 Paris

² Institut de Recherche Saint Louis- Université de Paris, 12 Rue de la Grange aux Belles - 75010 Paris

¹ Nicole CHAUMONT : nicole.chaumont@sorbonne-universite.fr

L'éthylène est une hormone végétale jouant un rôle clé dans la germination en modulant divers processus physiologiques et moléculaires. Nos travaux récents ont montré que l'éthylène levait la dormance des graines d'*Arabidopsis* via l'activation du métabolisme des espèces réactives de l'oxygène (ROS) et qu'il induisait une signature transcriptionnelle spécifique des ROS notamment en activant la voie de signalisation rétrograde mitochondriale. Parallèlement, l'analyse du traductome, la fraction des ARNm associée aux polysomes, a démontré le rôle de la traduction sélective dans la réponse des graines à l'éthylène (Jurdak et al., 2020, 2022). Ces observations interrogent sur le rôle des modifications post-transcriptionnelles induites en présence d'éthylène. Parmi celles-ci, la méthylation m6A (N⁶-méthyladénosine) est une modification chimique réversible de l'ARN, qui joue un rôle clé dans la régulation de l'expression des gènes au niveau post-transcriptionnel. Elle est la plus abondante, représentant environ 80 % des méthylations des ARN.

Dans ce contexte, nous avons émis l'hypothèse que la méthylation m6A pourrait jouer un rôle clé dans l'adressage des transcrits vers la traduction ou la dégradation en réponse à l'éthylène. Pour tester cette hypothèse, nous avons utilisé le séquençage d'ARN par la technologie Oxford Nanopore, qui permet de détecter directement les bases modifiées.

Nos résultats montrent que l'éthylène modifie le taux de méthylation m6A. En croisant les profils de méthylation des ARNm à 16 h avec les données du transcriptome et du traductome à 24 h, nous observons que les transcrits méthylés à 16 h ne sont pas traduits mais essentiellement dégradés à 24 h. Cette dynamique semble dépendre de la localisation des sites de méthylation sur les ARNm. En effet, les méthylations m6A identifiées se trouvent principalement dans les régions codantes et dans les régions 3'UTR, ce qui est connu pour être associé à une diminution de l'association des ARNm aux polysomes. Ces résultats suggèrent que la méthylation m6A pourrait bloquer la traduction de certains transcrits, notamment ceux impliqués dans la machinerie de traduction elle-même, jouant un rôle de régulation dans la réponse à l'éthylène au cours de la germination des graines d'*Arabidopsis thaliana*.

Bibliographie :

Rana Jurdak, Alexandra Launay-Avon, Christine Paysant-Le Roux, Christophe Bailly. 2020.

Retrograde signalling from the mitochondria to the nucleus translates the positive effect of ethylene on dormancy breaking of *Arabidopsis thaliana* seeds. *New Phytologist* : 229 (4) : 2192-2205.

Rana Jurdak, Guilherme de Almeida Garcia Rodrigues, Nicole Chaumont, Geoffrey Schivre, Clara Bourbousse, Fredy Barneche, Magda Bou Dagher Kharrat, Christophe Bailly. 2022.

Intracellular reactive oxygen species trafficking participates in seed dormancy alleviation in *Arabidopsis* seeds. *New Phytologist* : 234(3):850-866.

MFT: Un lien entre le développement de la graine et régulation de la dormance ?

Laurine Grazer¹, Edgard Lemaire¹, Emilie Montes¹, Victoria Gomez²,
Gwyneth Ingram¹ and Thomas Widiez¹

¹ Laboratoire Reproduction et Développement des Plantes, Univ Lyon, ENS de Lyon, UCB Lyon 1, CNRS, INRAE, Lyon.

² Sorbonne Université, CNRS, Institut de Biologie Paris-Seine (IBPS), UMR 7622, Biologie du développement, Paris

¹ Auteur principal: laurine.grazer@ens-lyon.fr

Les angiospermes assurent leur dispersion dans l'espace et le temps grâce à la production de graines. De surcroît, certaines espèces utilisent la dormance pour retarder le moment de la germination jusqu'à des conditions plus favorables. Si cette stratégie est bénéfique en milieu naturel, elle peut constituer un frein en agriculture, où une germination rapide et homogène est souvent recherchée. C'est dans ce contexte que le rôle du gène *MOTHER-OF-FT-AND-TFL1* (*MFT*) dans la dormance des graines d'*Arabidopsis* et du riz a été mis en évidence¹⁻³.

Cependant, nos observations chez *Arabidopsis* et le maïs, révèlent une expression des gènes MFTs à des stades précoces au cours du développement de la graine, ainsi qu'une localisation spatiale dans différents compartiments de la graine. Ceci suggère que MFT pourrait avoir une fonction plus large lors du développement des graines que celle initialement identifiée dans la dormance. De plus MFT appartient à la famille des PEBP (Phosphatidylethanolamine Binding Protein) dont certains membres, tel FT (Florigen Locus T), sont des protéines mobiles impliquées dans la signalisation inter-organes induisant des transitions développementales et métaboliques (source – puit).

À partir de ces observations, nous formulons l'hypothèse que MFT joue un rôle dans la coordination du développement de la graine. Pour tester cela, nous avons généré des mutants pour l'unique gène *AtMFT* et pour les trois gènes *ZmMFT*. Des résultats préliminaires indiquent que deux gènes *ZmMFT* exprimés spécifiquement dans l'embryon régulent négativement la germination des graines de maïs. Le troisième est exprimé à l'interface embryon/albumen nommée « endosperm adjacent to scutellum (EAS) » et sa fonction encore inconnue et actuellement étudiée par différentes approches, notamment par l'étude de sa mobilité et par des analyses de nutriments et de métabolites. Des résultats préliminaires suggèrent une différence de la composition du contenu lipidique entre les graines sauvages et *mft*. Notre travail vise donc à comprendre si MFT coordonne les échanges entre organes sources et puits au cours du développement de la graine, et comment cette régulation influence à la fois le développement et la dormance.

Références

1. Xi, W., Liu, C., Hou, X. & Yu, H. MOTHER OF FT AND TFL1 Regulates Seed Germination through a Negative Feedback Loop Modulating ABA Signaling in *Arabidopsis*. *The Plant Cell* **22**, 1733–1748 (2010).
2. Vaistij, F. E. et al. MOTHER-OF-FT-AND-TFL1 represses seed germination under far-red light by modulating phytohormone responses in *Arabidopsis thaliana*. *Proceedings of the National Academy of Sciences* **115**, 8442–8447 (2018).
3. Shen, J. et al. The phosphatidylethanolamine-binding proteins OsMFT1 and OsMFT2 regulate seed dormancy in rice. *The Plant Cell* **36**, 3857–3874 (2024).

Phenolic Oxidative Polymerization as an Unexplored facet of Plant cuticle formation (POP-UP)

Gabriel HOANG¹, Samuel KNOSP², Hugues RENAULT², Gwyneth INGRAM¹

1 Laboratoire Reproduction et Développement des Plantes, CNRS/UMR5667, ENS de Lyon

2 Institut de biologie moléculaire des plantes, CNRS, Université de Strasbourg

¹ Auteur principal : gabriel.hoang@ens-lyon.fr

Les cuticules végétales représentent une innovation évolutive clé ayant permis la conquête du milieu terrestre par les plantes. Elles agissent en tant que modifications hydrophobes de la paroi cellulaire, assurant une fonction cruciale de barrière aux interfaces plante-environnement, en limitant les échanges de gaz, d'eau et de solutés. Dans les organes vasculaires des plantes, comme les feuilles, la cuticule fonctionne principalement comme une barrière de diffusion, régulant les échanges avec l'environnement notamment par leur association avec les pores stomatiques. En revanche, la cuticule embryonnaire, bien qu'essentielle dès les premières étapes du développement, demeure très peu étudiée. Chez *Arabidopsis*, l'embryon en développement ne possède pas de stomates, mais il doit néanmoins être protégé par une cuticule fonctionnelle, capable de concilier imperméabilité et perméabilité sélective afin de permettre les échanges nutritionnels indispensables à sa croissance. La cuticule est constituée d'un réseau hétérogène de lipides, de polysaccharides et de composés phénoliques. Ces derniers, au-delà de leur rôle structural, peuvent subir une polymérisation oxydative catalysée par des peroxydases dépendantes du peroxyde d'hydrogène (H_2O_2), un mécanisme bien connu dans la formation de la lignine. Les radicaux phénoliques ainsi générés, hautement réactifs, peuvent interagir avec d'autres composants de la cuticule, comme les polysaccharides et les lipides, assurant potentiellement une interface entre la paroi cellulaire et la cutine. Nous proposons que cette polymérisation pourrait-être déterminante pour l'intégrité de la cuticule embryonnaire. Cependant, sa composition précise, les voies métaboliques impliquées et leurs interactions demeurent largement inconnues. Dans ce contexte, mon projet vise à explorer les contributions de la polymérisation oxydative des composés phénoliques à l'établissement des cuticules sur les embryons d'*Arabidopsis*. Il repose sur une approche intégrée visant à analyser la composition de la cutine, caractériser sa structure et ses propriétés biomécaniques, identifier les déterminants biochimiques de la polymérisation oxydative, et en évaluer les fonctions physiologiques et développementales.

Seed Core-Specialized Metabolome - CoreSeedMet: Toward a conserved seed metabolome across model and crop plant species

Audrey Le Cabec¹, Stéphanie Boutet¹, Massimiliano Corso¹

1 Université Paris-Saclay, INRAE, AgroParisTech, Institute Jean-Pierre Bourgin for Plant Sciences (IJPB), Versailles 78000, France

¹ Auteur principal: audrey.le-cabec@inrae.fr

Scientific studies on the plant metabolome have primarily focused on characterizing the diversity and, to a lesser extent, the function of specialized metabolites (SMs), mostly in vegetative tissues. In particular, research has tended to identify metabolic families that are specifically accumulated in a restricted group of species and whose biosynthetic pathways are absent in others¹⁻³. **However, whether seeds share a conserved set of SMs across diverse taxa remains largely unexplored.**

Shared metabolic pathways in seeds may reflect either ancient conservation from a common ancestor or convergent evolution under similar selective pressures. Such findings would challenge the traditional definition of SMs, suggesting a need for a more nuanced classification. For instance, flavan-3-ols appear nearly universal in flowering plant seeds, suggesting a conserved biosynthetic pathway⁴. **The working hypothesis is that additional, yet unidentified or unannotated, metabolites in existing metabolomic datasets, may also be part of this conserved metabolic core.**

Over the past five years, our team **compiled LC-MS² data on seed SMs from a wide range of species**, including members of the Brassicaceae, Leguminosae, and Poaceae families, with 5 to several hundred genotypes per species. We are now expanding this work by analysing the diversity of seed SMs and their associated biosynthetic pathways across a broader set of crop species. Specifically, we have included additional cultivated species from plant families not previously represented in our dataset (e.g., Astereaceae, Lamiaceae, Amaranthaceae, Polygonaceae). Priority has been given to major crop species for which no metabolomic data has yet been generated.

The final dataset, currently under analysis, will **encompass more than 60 plant species from various families and approximately 1000 genotypes**. Our main objectives are to: (i) identify the core seed metabolome of cultivated plant species, or at minimum, a core set specific to each plant family, and (ii) integrate metabolomic profiles with available genomic data and 3D protein structures, to predict the potential enzymatic activities involved in metabolite accumulation.

Identifying and characterizing these core metabolites compounds would enhance our understanding of the evolutionary pressures shaping seed crop metabolism and may uncover novel targets for crop improvement.

References:

- (1) Barreda, L.; Brosse, C.; Boutet, S.; Klewko, N.; De Vos, D.; Francois, T.; Collet, B.; Grain, D.; Boulard, C.; Totozafy, J. C.; Bernay, B.; Perreau, F.; Lepiniec, L.; Rajjou, L.; Corso, M. Multi-omic Analyses Unveil Contrasting Composition and Spatial Distribution of Specialized Metabolites in Seeds of *Camelina Sativa* and Other Brassicaceae. *Plant J.* **2025**, *121* (3). <https://doi.org/10.1111/tpj.17231>.
- (2) Boutet, S.; Barreda, L.; Perreau, F.; Totozafy, J.; Mauve, C.; Gakière, B.; Delannoy, E.; Martin-Magniette, M.; Monti, A.; Lepiniec, L.; Zanetti, F.; Corso, M. Untargeted Metabolomic Analyses Reveal the Diversity and Plasticity of the Specialized Metabolome in Seeds of Different *Camelina Sativa* Genotypes. *Plant J.* **2022**, *110* (1), 147–165. <https://doi.org/10.1111/tpj.15662>.
- (3) Barreda, L.; Brosse, C.; Boutet, S.; Perreau, F.; Rajjou, L.; Lepiniec, L.; Corso, M. Specialized Metabolite Modifications in Brassicaceae Seeds and Plants: Diversity, Functions and Related Enzymes. *Nat. Prod. Rep.* **2024**, *41* (5), 834–859. <https://doi.org/10.1039/d3np00043e>.
- (4) Corso, M.; Perreau, F.; Mouille, G.; Lepiniec, L. Specialized Phenolic Compounds in Seeds: Structures, Functions, and Regulations. *Plant Sci.* **2020**, *296*, 110471. <https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2020.110471>.

TaMCB1, un facteur de transcription impliqué dans la régulation de la synthèse des protéines de réserve et du poids de mille grains chez le blé tendre

Marielle Merlino, David Alvarez, Emmanuelle Bancel, Annie Faye, Caroline Frey, Anaïs Michaud,
Sibille Perrochon, Séverine Rougeol, Jacques Le Gouis, Catherine Ravel, Julie Boudet

Université Clermont-Auvergne, INRAE, UMR1095 GDEC, Clermont-Ferrand, France

Auteur principal : marielle.merlino@inrae.fr

Le blé tendre (*Triticum aestivum*) est principalement consommé après transformations qui requièrent une qualité spécifique principalement déterminée par la concentration et la composition en protéines de réserve (PR). Les principales PR chez le blé sont les gluténines, pour lesquelles on distingue celles de haut et faible poids moléculaires, et les gliadines. Leur synthèse est essentiellement régulée au niveau transcriptionnel par la disponibilité en azote (N) et en soufre (S). La régulation transcriptionnelle met en jeu plusieurs facteurs de transcription (FT) qui se fixent au niveau de cis-motifs situés dans les régions promotrices des gènes. Chez le blé, des travaux ont permis de bien décrire ce réseau de régulation avec notamment la caractérisation de FT DOF (Merlino et al., 2023). Néanmoins, peu de travaux ont analysé l'effet de l'N sur ce réseau (Boudet et al., 2019 ; Plessis et al., 2023). Au sein de l'équipe, des travaux de génétique d'association ont mis en évidence le FT TaMCB1 comme pouvant être impliqué dans la régulation de la synthèse des PR (Plessis et al., 2013).

Le rôle de TaMCB1 dans la régulation de l'accumulation des PR a été étudié en analysant le phénotype de doubles mutants TILLING de blé dur (*Triticum durum*) en réponse à l'N et au S. A maturité, le poids de mille grains, les teneurs en N, en gliadines et gluténines sont significativement augmentés chez le mutant par rapport au sauvage quelle que soit la nutrition appliquée pendant le remplissage du grain. L'effet répresseur de TaMCB1 a été confirmé *in vitro* et *in vivo* en analysant les interactions ADN-protéine par gel retard et l'activité régulatrice par expression transitoire sur albumens immatures de blé.

Mots clefs : blé tendre, grain, régulation transcriptionnelle, azote, soufre

Plessis A. et al., (2013) J Exp Bot. 64(12):3627-44

Boudet et al., (2019) Plant J 97:858–871

Plessis A. et al., (2023) Sci Rep. 20;13(1):22736

Merlino et al., (2023) PLoS ONE 18(6): e0287645

Deciphering miRNA functions in the regulation of *Arabidopsis thaliana* seed dormancy

Gulkhan Rakhmanova¹, Jérémie Bazin², Thomas Blein², Martin Crespi², Jaishri Rubina Das³, Annie Marion-Poll³, Loïc Rajjou³, Christophe Bailly¹, Juliette Puyaubert¹

¹Sorbonne Université, CNRS UMR8263, Institut de Biologie Paris-Seine-Développement, Adaptation et Vieillesse (IBPS-Dev2A), 75005, Paris, France.

²Institute of Plant Sciences Paris-Saclay (IPS2), CNRS, INRA, Universités Paris Saclay, Evry, Université de Paris, 91192 Gif sur Yvette, France.

³L'Université Paris-Saclay, INRAE, AgroParisTech, Institute Jean-Pierre Bourgin for Plant Sciences (IJPB), 78000 Versailles, France.

Gulkhan Rakhmanova : gulkhan.rakhmanova@sorbonne-universite.fr

Seed dormancy is a crucial trait for plant adaptation and agricultural performance, especially in the context of environmental variability and increasing temperature fluctuations due to climate change. While the hormonal and transcriptional regulation of seed dormancy is well established, the role of non-coding RNAs (ncRNAs) in this process remains largely unexplored. The RNASEED project aims to uncover how microRNAs (miRNAs), contribute to the regulation of seed dormancy, with a focus on temperature-dependent mechanisms in *Arabidopsis thaliana*.

To explore effects of maternal temperature on dormancy, seeds were harvested from plants grown at 14 °C and 20 °C after flowering. Seeds that were produced at 14°C were more dormant than seeds obtained from plants grown at 20°C, showing the role of maternal environment on seeds dormancy induction. miRNAs were extracted from these seed samples and sequenced using RNA-seq, which allowed the identification of 20 deregulated miRNAs in seeds issued from both cultures, potentially involved in the regulation of seed dormancy and germination by temperature. Functional validation of the candidate miRNAs was performed by generating transgenic lines. STTM (Short Tandem Target Mimic) technology was used to suppress miRNA expression, while artificial miRNA (amiR) constructs enabled overexpression of each of the 20 miRNAs. Preliminary phenotypic analyses of selected lines suggest potential roles for two miRNAs in seed dormancy regulation.

In parallel, expression patterns of these miRNAs were analyzed during the imbibition of seeds produced at 14 and 20°C. Interestingly, several miRNAs displayed opposite regulation between the two conditions of production. To investigate potential links with abscisic acid (ABA), miRNA expression was also analyzed in key ABA-related mutants (metabolism, signaling) as well as in the non-dormant *dog1* mutant. Preliminary data indicate that a couple of miRNAs are deregulated in these genetic backgrounds, supporting their possible involvement in ABA-related dormancy pathways.

Future work will involve comprehensive functional validation of the miRNAs and their targets to elucidate the integrated regulatory network underlying seed dormancy and germination.

mRNA uridylation, a post-transcriptional process regulating seed maturation and primary dormancy

Jackson Peter¹, Jeanne Roignant¹, Sebastian Sacharowski², Elodie Ubrig¹, Benjamin Lefèvre¹, Szymon Swiezewski², Dominique Gagliardi¹, Hélène Zuber¹

¹Institut de biologie moléculaire des plantes, CNRS, Université de Strasbourg, Strasbourg, France.

² Laboratory of Seeds Molecular Biology, Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences, Warsaw, Poland

Presenting author: helene.zuber@ibmp-cnrs.unistra.fr

Seed agronomic traits such as vigor and nutritional value are established during development through complex, multilayered processes, including post-transcriptional regulation. However, the molecular mechanisms underlying this regulation remain poorly understood.

Over the past decade, mRNA uridylation—the addition of uridine residues to the 3' end of mRNAs—has emerged as a widespread modification that destabilizes eukaryotic mRNAs, playing a critical role in post-transcriptional regulation. In *Arabidopsis*, we identified the UTP:RNA Uridyltransferase 1 (URT1) as the primary enzyme responsible for mRNA uridylation. We demonstrated that uridylation promotes mRNA decay by facilitating 5' to 3' degradation and preventing excessive deadenylation¹. This process is essential to avoid the production of aberrant siRNAs that silence endogenous mRNAs and negatively impact plant growth and development.

In our recent study, we adapted FLEP-seq2, a nanopore sequencing-based method, to generate a comprehensive map of mRNA uridylation events across different *Arabidopsis* tissues. Our results revealed a unique pattern of mRNA uridylation in seeds and a dual role for URT1-dependent uridylation in shaping the seed transcriptome during maturation². We propose that during seed maturation, uridylation by URT1 facilitates the degradation of translation-associated mRNAs while simultaneously stabilizing maturation-related transcripts by preventing their deadenylation.

Consistent with its role in transcriptome remodeling, our study also identifies URT1 as a novel regulator of seed primary dormancy. Overall, our findings underscore the biological significance of mRNA uridylation in seed maturation and its broader implications for seed quality traits.

1. Scheer, H. *et al.* The TUTase URT1 connects decapping activators and prevents the accumulation of excessively deadenylated mRNAs to avoid siRNA biogenesis. *Nat. Commun.* **12**, 1298 (2021).
2. Peter, J. *et al.* The TUTase URT1 regulates the transcriptome of seeds and their primary dormancy. 2024.12.19.629392 Preprint at <https://doi.org/10.1101/2024.12.19.629392> (2024).

Le plasma froid, une méthode innovante à évaluer pour lever la dormance des graines issues de populations sauvages du navet

Wagner MH¹, Dufour T², Geraci A³, Oddo E³, Bailly C⁴, Hadj Arab H⁵, Boucenna B⁵, Tiret M⁶, Dupont A¹, Ducournau S¹, Chèvre AM⁶

¹ GEVES, Station Nationale d'Essais de Semences, 25 rue G. Morel, Beaucazoué, France

² Sorbonne Université, 4 Place Jussieu, Laboratoire LPP, Paris, France

³ Department of Biological, Chemical and Pharmaceutical Sciences and Technologies (STEBICEF), University of Palermo, Viale delle Scienze, 90128 Palermo, Italy

⁴ Sorbonne Université, 4 Place Jussieu, IBPS, Equipe Biologie des Semences, Paris, France

⁵ University of Sciences and Technology Houari Boumediene USTHB, Faculty of Biological Sciences FSB, Laboratory of Biology and Physiology of Organisms LBPO, Bab-Ezzouar, El-Alia, BP 32, 16111, Algiers, Algeria

⁶ IGEPP Institut de Génétique Environnement et Protection des Plantes Bretagne-Normandie 66 Route du Bois de la Motte 35653 Le Rheu, France

¹ Wagner MH: marie-helene.wagner@geves.fr

Le navet (*Brassica rapa* L.) est une espèce originaire de la Méditerranée. Il s'étend du nord-ouest de la France au sud de l'Algérie. Le projet BrasExplor (PRIMA 1425) visait à recenser et caractériser les ressources phytogénétiques disponibles pour adapter deux cultures potagères de la famille des Brassicacées au changement climatique. Le phénotypage de la germination pour l'ensemble du matériel collecté et multiplié en France sur un même site a permis de montrer une dormance physiologique marquée chez *Brassica rapa*. 61 populations sauvages collectées tout autour du bassin méditerranéen ont ainsi été caractérisées pour leurs traits de germination et dormance.

La dormance des graines est un facteur clé qui module la germination et l'établissement des cultures. Trois méthodes de levée de la dormance ont été comparées : l'acide gibbéréllique pour lever sélectivement la dormance embryonnaire, la scarification pour lever l'inhibition tégumentaire et une méthode alternative non conventionnelle dans les règles internationales des essais de semences : le plasma froid. L'efficacité et la sélectivité de cette méthode ont été évaluées par la capacité de germination des populations (%), le début (T10) et leur vitesse de germination (TMG) ainsi que par leur taux de levée en serre (%).

Cinq jours après imbibition, les graines traitées au plasma germaient à 60% tandis que la germination n'était que de 18% pour les graines non traitées. La germination a également démarré 24h plus tôt et le temps moyen de germination a été réduit dans la plupart des populations. Cependant, le traitement au plasma froid n'a pas permis d'améliorer la levée des plantules en serre, qui est restée autour de 55% pour les échantillons non traités et traités.

Des analyses microscopiques et histologiques ont montré que le tégument des graines était différent selon l'origine géographique des populations avec une dormance plus marquée chez les graines issues des populations siciliennes.

Uncovering the hidden diversity ecological roles of specialized metabolites in rapeseed seed exudates

Brosse C.¹, Boutet S.¹, Saccaram C.¹, Hubert B.², Buitink J.², Rolland S.³, Nesi N.³, Rajjou L.¹, Corso M.¹

- 1 *Université Paris-Saclay, INRAE, AgroParisTech, Institute Jean-Pierre Bourgin for Plant Sciences (IJPB), 78000 Versailles, France*
- 2 *INRAE, Institut Agro, Université d'Angers, L'Institut de Recherche en Horticulture et Semences (IRHS), 49000 Angers, France*
- 3 *INRAE, Institut Agro, Université Rennes, UMR1349 Institute for Genetics, Environment and Plant Protection (IGEPP), 35650 Le Rheu, France*

Auteur principal: celine.brosse@inrae.fr

With the world population growing and major environmental problems caused by climate change and pest, providing enough food for everyone may become increasingly challenging. Therefore, biocontrol strategies are being developed to find biobased alternatives to synthetic pesticides used for seed treatment. The spermosphere is the zone surrounding germinating seeds, consisting of primary and specialized metabolites, other molecules exuded by the seeds, and the microorganisms they attract. In this work, seed spermosphere of ten rapeseed genotypes produced in two different crop management was characterized by LC-MS2 untargeted metabolomics. Glucosinolates (GSL) were abundant in seed spermosphere and showed major differences among genotypes. While GSL role in plant herbivore interaction is well known, their ecological role in seeds and their exudates is not elucidated. All identified GSL and related degradations products (isothiocyanates) found in spermosphere were mapped on their biosynthetic pathway, and were quantified to know their concentration in seeds and in exudates. Next, exudates from contrasting GSL content rapeseed accessions were tested against several seed pathogens (bacteria and fungi). The seed spermosphere of the high-GSL-concentration genotype showed the strongest inhibitory effect on pathogen growth. Several GSL and isothiocyanate compounds are being tested for their inhibitory effects on pathogen growth. In parallel, multiomic analyses are underway to study genes and enzymes involved in GSL biosynthesis, transport, degradation and decoration during seed exudation. These data uncovered a large metabolic diversity in seed spermosphere and highlighted a potential ecological role for GSL in seed-pathogen interaction during germination.

Identification du stade de développement racinaire de la tomate et du colza permettant l'évaluation des solutions biostimulantes en traitement de semences.

Audrey Dupont¹, Marie-Hélène Wagner¹, Sylvie Ducournau¹

1 GEVES, Station Nationale d'Essais de Semences, 25 rue G. Morel, 49071 Beaucouzé - FRANCE

¹ Presenting author: audrey.dupont@geves.fr

Les biostimulants peuvent être utilisés pour améliorer les processus physiologiques et de nutrition des plantes et ainsi stimuler dès les premiers stades de la culture, la germination ou la croissance des plantes de différentes espèces cultivées. L'efficacité des biostimulants dépend souvent de la composition du produit, de sa concentration et de l'espèce végétale, mais aussi du stade de développement de la plante au moment de l'application. Dans cette étude, nous avons examiné les effets de trois solutions biostimulantes commerciales appliquées comme traitement des semences.

Après avoir identifié la concentration optimale à laquelle la solution avait le plus grand effet sur la germination, nous avons étudié l'effet des solutions sur le développement du système racinaire. L'étude de la densité racinaire est particulièrement intéressante. Elle a été évaluée en laboratoire à l'aide de Winrhizo, un logiciel d'analyse d'images couplé à un scanner permettant de mesurer divers paramètres tels que la longueur, le volume, la surface, le diamètre, etc. des racines. Afin d'identifier le stade auquel l'effet des solutions biostimulantes est visible de façon significative sur le développement du système racinaire, différents prélèvements ont été réalisés entre 4 et 21 jours après le semis. Les plantules ont également été évaluées selon les règles de l'ISTA. Les résultats ont montré une réponse significative de certaines solutions pour les deux espèces étudiées : la tomate comme espèce potagère et le colza comme espèce agricole. Une solution a permis l'augmentation de 22% en moyenne de la longueur du système racinaire du colza, tandis qu'une autre solution a permis l'augmentation de 34% de la longueur du système racinaire de la tomate et ce, après seulement quelques jours de croissance pour l'ensemble des variétés testées.

Les biostimulants pourraient avoir un impact important sur le développement des racines dès le semis lorsqu'ils sont appliqués en traitement de semence sur la graine, mais ils sont spécifiques à l'espèce cultivée. Cette étude souligne l'importance de choisir des solutions adaptées à chaque culture pour optimiser leurs bénéfices.

Interactions Microbiote–Pathogènes dans la Rhizosphère : Potentiel de Souches Locales de *Trichoderma* pour Induire le Biocontrôle.

LAROUK, Ch¹., KERROUM, F²

¹ Université Batna2 ; Département Ecologie et Environnement

² Centre de recherche en biotechnologie (CRBt), Constantine.

¹LAROUK CHAFIA: laroukchafia@yahoo.fr

Face aux enjeux environnementaux, l'exploitation des interactions plantes-microbiotes pour limiter les pathogènes fongiques constitue une alternative prometteuse aux pesticides chimiques. Le genre *Trichoderma* est reconnu pour son potentiel en biocontrôle, une approche privilégiée pour une agriculture durable et biologique.

Cette étude s'inscrit dans le cadre de la recherche sur les interactions entre les microbiotes du sol et les agents phytopathogènes. Son objectif principal est d'évaluer l'activité antagoniste de dix souches de *Trichoderma* contre trois champignons pathogènes: *Alternaria alternata*, *Fusarium redolens* et *Entolomamamosum*. Ces souches, isolées de sols rhizosphériques de l'Est algérien, représentent une partie du microbiote bénéfique naturel pouvant être valorisé pour stimuler la résistance des plantes et réduire l'usage de fongicides chimiques.

Après une caractérisation morphologique des souches, des confrontations directes *in vitro* ont été réalisées. Toutes les souches ont montré un effet inhibiteur significatif (50 à 75 %), avec une efficacité marquée chez *T. afroharzianum*, *T. harzianum* et *T. asperellum*.

Ces résultats mettent en évidence le rôle potentiel de *Trichoderma* comme agent de biostimulation et de biocontrôle, illustrant l'importance d'une gestion intégrée des microbiotes rhizosphériques pour renforcer la résistance des plantes face aux pathogènes fongiques.

Mots clés : *Trichoderma*, biocontrôle, lutte biologique, Agriculture durable.

Etude de l'infestation des glands par *Curculio spp.* sur leur composition biochimique

*Océane Parthenay*¹, *Brigitte Musch*², *Samuel Venner*³, *Marie-Claude Venner*³, *Caroline Teyssier*¹

1 BioForA, UMR INRAE–ONF, 2163 Avenue de la pomme de Pin, CS 40001 Ardon, 45075 Orléans

2 ONF, 2 bis avenue du Général Leclerc, 94700 Maisons-Alfort

3 LBBE - UMR CNRS-Université Claude Bernard Lyon 1, 43 Bd du 11 nov 1918

69622 Villeurbanne cedex

¹Océane Parthenay: oceaneparthenay@inrae.fr

Les insectes du genre *Curculio*, sont des ravageurs majeurs des glands. Les femelles pondent leurs œufs à l'intérieur des fruits en développement ; les larves s'y nourrissent, provoquant ainsi des dommages physiques et biochimiques. Ces interactions peuvent avoir des conséquences importantes sur la viabilité des graines pouvant impacter la régénération des chênes et sur les ressources alimentaires disponibles pour la faune forestière. Certains arbres étant plus attaqués que d'autres, des répercussions peuvent aussi se mesurer dans la diversité génétique de la régénération naturelle.

Dans le cadre de ma thèse, je m'intéresse à l'impact de l'infestation par *Curculio spp.* sur la composition biochimique des glands, afin de mieux identifier des déterminismes moléculaires impliqués dans cette prédation. Cette étude est basée sur la comparaison des profils biochimiques des glands sains et infestés afin d'identifier des marqueurs moléculaires de l'attraction des femelles pour certains arbres/glands, et/ou les modifications de composition induite par cette présence larvaire. Pour cela, j'utilise une approche combinant la spectroscopie proche infrarouge (NIRS), une méthode non destructive et rapide, des dosages biochimiques globaux des lipides, carbohydrates, protéines, et polyphénols ainsi que des analyses des métabolomes et protéomes.

Mes résultats préliminaires suggèrent un rôle possible de certains composés biochimiques dans les interactions plante-insecte. En effet, certains métabolites pourraient influencer le comportement des femelles *Curculio* lors de la sélection des glands pour la ponte, en jouant un rôle attractif ou répulsif.

Chemical and microbial dynamics in the spermosphere of aged and non-aged common bean seeds (*Phaseolus vulgaris* L.).

Chandrodhay Saccaram^{1*}, Wagner Marie-Hélène², Joséphine Houssin², Marie Simonin³, Stéphanie Boutet¹, Boris Collet¹, Céline Brosse¹, Tracy François, Delphine Sourdeval¹, Coralie Marais³,
Massimiliano Corso¹, Loïc Rajjou¹

¹Université Paris-Saclay, INRAE, AgroParisTech, Institute Jean-Pierre Bourgin for Plant Sciences (IJPB), 78000, Versailles, France.

²Groupe d'Etude et de Contrôle des Variétés Et des Semences (GEVES), 49070 Beaucouzé, France

³Université Angers, Institut Agro, INRAE, IRHS, SFR QUASAV, 49071, Beaucouzé, France.

*Corresponding author: Chandrodhay Saccaram (chandrodhay.saccaram@inrae.fr)

Seeds are vital for plant reproduction, dispersal, and agriculture, with seed quality and vigour playing key roles in ensuring uniform germination and healthy seedling establishment under increasingly variable environmental conditions. During germination, seeds release complex exudates into the surrounding spermosphere, an active micro-environment influencing seedling development through interactions with microbial communities. Our previous research on common bean (*Phaseolus vulgaris*) revealed that seed exudates contain a diverse array of metabolites and peptides, some with functional roles such as antimicrobial activities. We hypothesized that these exuded molecules contribute in structuring the spermosphere microbiome. We demonstrated that both genotype and the environment of the mother plant during seed production influence the composition of the spermosphere. Genotype emerged as a key determinant of exudate profiles, while both genotype and production environment shaped microbial assemblages in distinct ways. It is well established that aged seeds typically exhibit reduced germination vigour and give rise to seedlings more susceptible to pathogens. However, the molecular mechanisms underlying these phenomena remain poorly described. To address this issue, the present study investigates how seed aging, induced through a controlled deterioration treatment (CDT) that reduces seed vigour, modifies exudate composition and its cascading effects on the spermosphere microbiome. We used a factorial design involving three common bean genotypes, two seed production environments, and both aged (deteriorated) and non-aged seed lots. Although aged seeds germinated more slowly, they ultimately reached similar maximum germination rates as non-aged seeds. Through multi-omics integration, we characterized how physiological seed status alters chemical signaling during germination and affects microbial recruitment in the spermosphere. Given that the spermosphere microbiome is likely critical for establishing microbial equilibria in developing seedlings and thus their susceptibility to biotic stress, this work provides novel insights into the interplay between seed vigour, exudate chemistry, and microbial dynamics.

Acknowledgements & Funding

This research was conducted as part of the SUCSEED project (ANR-20-PCPA-0009) funded by the French ANR as part of the PPR-CPA program and has benefited from the support of IJPB's Plant Observatory technological platforms. The IJPB benefits from the support of Saclay Plant Sciences-SPS (ANR-17-EUR-0007).