

Programme des journées RhizosPHARE* 2024

Rôle des rhizodépôts dans la communication entre les plantes
et leur environnement biotique rhizosphérique



12-14 Novembre 2024
Salle de conférence OSUR (bâtiment 14),
Campus de Beaulieu, Université de Rennes, France
(<https://maps.app.goo.gl/Lpj8iaDKbKrVUVFb8>)

* RhizosPHARE est un réseau INRAE soutenu par les départements SPE, BAP et AgroEcoSystem ainsi que par le métaprogramme SuMCrop

Programme

Mardi 12 Novembre 2024

13h30-14h00 **Accueil, remise des badges et café**

14h00-14h10 **Ouverture**

14h10-15h30 **Session 1**

Président de session: Alexandre DE SAINT GERMAIN

14h10-14h30 **Emmanuelle PERSONENI (EVA, Caen)**

Effets de l'inoculation de PGPR sur l'exsudation de deux brassicacées (colza et cameline): interaction avec un stress thermique

14h30-14h50 **Estelle FOREY et Victoria BÖHM (ECODIV, Rouen)**

La faune du sol peut-elle influencer l'exsudation racinaire ? défis scientifiques et méthodologiques

14h50-15h10 **Anouk ZANCARINI (IGEPP, Rennes)**

Comparative analysis of root exudates and bacterial communities in aeroponics and soil

15h10-15h30 **Oumayma MHAMDI (IJPB, Versailles)**

Investigating the role of glucosinolates in *Arabidopsis thaliana* allelopathic interactions: development of a protocol for root exudate collect and metabolomic profiling

15h30-16h00 **Pause**

16h00-17h20 **Session 2**

Présidents de session: Lionel LEBRETON et Anouk ZANCARINI

16h00-16h20 **Marine BIGET (IGEPP, Rennes)**

Harnessing soil microbiota: optimising hatching stimulation for effective biocontrol of *Heterodera carotae*

16h20-16h40 **Anne JANOUEIX (EGFV, Bordeaux)**

The effect of tree species and age on the composition and function of grapevine root microbiome

16h40-17h00 **Corentin MASLARD (Agroécologie, Dijon)**

Restructuration des relations plante-microorganismes sous l'influence du stress thermique et hydrique, isolé ou combiné

17h00-17h20 **Aude TIXIER (Agroécologie, Dijon)**

Sugar and amino acid exhibit different spatial patterns of root exudation in response to water stress and nitrogen nutrition

17h20-17h35 **Introduction aux ateliers du mercredi 13**

17h35-17h50 **Présentation des Wooclap lancés durant ces journées**

(feedback, réseau, prochains webinaires, interactions entre réseaux)

17h50-18h00 **Présentation du Wall of PHARE**

18h00-20h00 **Apéritif dinatoire sur place**

Mercredi 13 Novembre 2024

09h00-09h40 Conférencier invité : Lionel DUPUY (NEIKER, Bilbao)
Biophysical drivers shaping rhizosphere dynamics

09h40-10h45 Interactions entre les réseaux RhizosPHARE, CREA et AgroEcoChem

Présidente de session: Agnès ATTARD

09h40-10h00 Delphine MOREAU (Agroécologie, Dijon)
Intégrer le mécanisme d'allélopathie dans un modèle mécaniste simulant les interactions entre plantes cultivées et adventice

10h00-10h20 Anne-Marie CORTESERO (IGEPP, Rennes)
Manipuler le comportement des insectes ravageurs avec des odeurs pour développer de nouvelles stratégies de biocontrôle

10h20-10h45 Discussion interactive (Wooclap) pour dégager des pistes d'interactions entre réseaux

10h45-11h15 Pause

11h15-12h35 Session 3

Président de session: Frédéric REES

11h15-11h35 Jean-Bernard CLIQUET (EVA, Caen)
Méthodes de mesure de la rhizodéposition de l'azote atmosphérique par les Fabacées

11h35-11h55 Marie-Laure FOLLET (ECODIV, Rouen)
Caractérisation des vésicules extracellulaires végétales au sein des exsudats racinaires de plantules d'*Arabidopsis* et de *Pois*

11h55-12h15 Thibault STERCKEMAN (Laboratoire Sols et Environnement, Nancy)
Une approche métabolomique pour la caractérisation de la réactivité des rhizodépôts vis-à-vis des éléments en traces métalliques

12h15-12h35 Tristan GÉRAULT (ECOSYS, Palaiseau)
How are local soil availability signals integrated through uptake and rhizodeposition for plastic root growth? The new Wheat-BRIDGES model approach

12h35-14h15 Photo et déjeuner sur place

14h15-15h15 Session 4

Présidente de session: Virginie LAUVERGEAT

14h15-14h35 Benjamin PÉRET (IPSiM, Montpellier)
The white lupin CONSTITUTIVE CLUSTER ROOT 1 receptor-like kinase controls systemic shoot-to-root Autoregulation of Development

14h35-14h55 Vincent LEMAITRE (GlycoMEV, Rouen)
Remodelage des glycopolymères pariétaux racinaires chez *Pisum sativum* et *Vicia faba* lors des premières étapes de l'infection par *Aphanomyces euteiches*

14h55-15h15 Louis-Valentin MÉTEIGNIER (PHIM, Montpellier)
Toward a molecular understanding of plant-plant interactions for agroecological control of fungal infections

15h15-16h00 Ateliers

Participation à trois ateliers de réflexion sur les thèmes suivants:

- (1) Comment développer une exudothèque et dans quel but ?
Animateurs : Alexandre DE SAINT GERMAIN, Virginie LAUVERGEAT et Jean-Benoît PELTIER
- (2) Quel arbre de décision adopter dans le choix ou le développement d'un dispositif de chimiotactisme ?
Animateurs : Sylvain CHEREAU, Sylvain FOURNET et Christophe LANGRUME
- (3) Scenarii pour une vidéo promotionnelle des thèmes Rhizosphère
Animateurs : Agnès ATTARD, Éric GRENIER et Frédéric REES

16h00-16h30 Pause

16h30-17h30 Reprise et fin des ateliers

Participation à trois ateliers de réflexion sur les thèmes suivants:

- (1) Comment développer une exudothèque et dans quel but ?
Animateurs : Alexandre DE SAINT GERMAIN, Virginie LAUVERGEAT et Jean-Benoît PELTIER
- (2) Quel arbre de décision adopter dans le choix ou le développement d'un dispositif de chimiotactisme ?
Animateurs : Sylvain CHEREAU, Sylvain FOURNET et Christophe LANGRUME
- (3) Scenarii pour une vidéo promotionnelle des thèmes Rhizosphère
Animateurs : Agnès ATTARD, Éric GRENIER et Frédéric REES

18h55 **Tour guidé « maison » de Rennes** (optionnel)
(rendez-vous devant la Taverne de la Marine
<https://maps.app.goo.gl/UoxCjxayZweWdkDA>, départ à 19h00)

20h00 **Dîner au restaurant la Taverne de la Marine à Rennes**
(<https://maps.app.goo.gl/UoxCjxayZweWdkDA>)

Jeudi 14 Novembre 2024

09h00-09h40 Conférencier invité : **Wafa ACHOUAK DUPUY (BIAM, St-Paul-lez-D.)**
Regulation of Rhizosheath Formation in Pearl Millet through Root Exudates

09h40-10h45 Synthèse et restitution des ateliers de la veille

10h45-11h15 Pause

11h15-12h35 Session 5

Présidents de session: Josselin MONTARRY et Jean-Benoît PELTIER

- 11h15-11h35** **Valentina BALDAZZI (ISA, Sophia-Antipolis)**
Coupling plant physiology and pest demography to understand plant-nematode interactions
- 11h35-11h55** **Alexia GAUDRY (GlycoMEV, Rouen)**
Rôle du piège extracellulaire de racine de deux Fabacées dans l'accessibilité de microorganismes telluriques à l'apex racinaire
- 11h55-12h15** **Eulalie FOURNEAU (GlycoMEV, Rouen)**
Un score de "*love match*" pour comparer les réponses physiologiques de rhizobactéries bénéfiques pour les plantes aux exsudats racinaires
- 12h15-12h35** **Agnès ATTARD (ISA, Sophia-Antipolis)**
Unraveling the spatial and temporal dynamics of root signaling during the early phases of oomycete infection

12h35-12h50 Retour à chaud des Wooclap

12h50-13h00 Clôture et distribution des paniers repas

Résumés

Effets de l'inoculation de PGPR sur l'exsudation de deux brassicacées (colza et caméline): interaction avec un stress thermique

Auteurs : Jeremy DELAMARE¹, Sophie BRUNEL-MUGUET¹, Claire PRIGENT-COMBARET⁴, Mélanie BRESSAN², Stéphane FIRMIN, Annette MORVAN-BERTRAND¹ & Emmanuelle PERSONENI¹

¹ Univ Caen Normandie, INRAE, UMR 950 EVA, SFR Normandie Végétal FED 4277, Caen, France

² UniLaSalle Rouen, UR AGHYLE, SFR Normandie Végétal FED 4277, Mont-Saint-Aignan, France

³ UniLaSalle Beauvais, UR AGHYLE, SFR Normandie Végétal FED 4277, Beauvais, France

⁴ Université Claude Bernard, UMR 5557 Ecologie Microbienne Lyon, France

Mots-clés : stress thermique ; PGP ; exsudats racinaires ; acides organiques ; sucres exsudés

Les exsudats racinaires représentent une part essentielle de la rhizodéposition. Ils contribuent à améliorer la disponibilité des éléments nutritifs des plantes directement par la solubilisation de certaines formes complexées et indirectement en recrutant des microorganismes bénéfiques, comme les rhizobactéries favorisant la croissance des plantes (PGPR).

Considéré comme un trait racinaire à part entière, l'exsudation racinaire joue un rôle majeur dans les stratégies d'espèces, en parallèle des traits morphologiques racinaires. Ces deux fonctions sont particulièrement cruciales pour les Brassicacées, comme le colza et la caméline, car leurs interactions avec les rhizobactéries libres sont privilégiées.

Cependant, la prospection et l'exsudation racinaires sont particulièrement impactées par le stress thermique qui pourrait provoquer une altération des relations plantes-bactéries par une diminution de la surface d'échange racinaire et par des modifications induites par le stress sur la quantité et la composition des exsudats.

L'utilisation des PGPR pourraient constituer un nouveau levier d'acclimatation puisqu'elles possèdent une large diversité d'activités biotiques bénéfiques permettant, entre autres, la résistance des plantes face aux stress et plus particulièrement face aux stress abiotiques*.

Dans cette étude, nous avons analysé les modifications de la morphologie et de l'exsudation racinaires de colza et de caméline inoculées ou non avec des PGPR et/ou sous condition de stress thermique.

Le recueil des exsudats a été réalisé selon le mode hybride sol/hydroponie[†] à trois stades de développement de la plante. Les teneurs en carbone et en azote ainsi que les principaux sucres et acides organiques impliqués dans les interactions plantes-bactéries ont également été analysées.

Nous avons pu observer que le colza et la caméline présentent des stratégies contrastées dans leur réponses au stress thermique et à l'interaction avec des PGPR. En effet, en condition de stress thermique, la caméline semble contrôler l'interaction avec les PGPR et son exsudation, pour maintenir son développement alors que le colza tend à subir l'inoculation des PGPR. De plus, pour la caméline, en présence de PGPR, la composition des exsudats tend à être modifiée au travers d'une augmentation de l'exsudation de certains composés d'intérêt pour les PGPR[‡].

* Meena et al., 2017. *Front Plant Sci* 8:1–25. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.00172>

[†] Oburger & Jones, 2018. *Rhizosphere* 6:116–133. <https://doi.org/10.1016/j.rhisph.2018.06.004>

[‡] Delamare et al., 2023. *Physiologia Plantarum* 175(6), 14058. DOI: 10.1111/ppl.14058

La faune du sol peut-elle influencer l'exsudation racinaire ? défis scientifiques et méthodologiques

Auteurs : Estelle FOREY¹, Victoria BÖHM², Pascal CARDINAEL², Antoine LEVASSEUR¹, Valérie PEULON-AGASSE², Matthieu CHAUVAT^{1,3}

¹ Laboratoire ECODIV USC 1499 INRAE, Université de Rouen, France

² Laboratoire SMS UR 3233, Université de Rouen, France

³ LIENs UMR CNRS 7266, La Rochelle Université, France

Mots-clés : Interactions plante-sol ; Faune du sol ; Méthodes d'échantillonnage ; GC-HRMS ; Analyses métabolomiques non ciblées

La faune du sol (ex : vers de terre, collemboles, nématodes) est une composante essentielle des sols et plus largement du fonctionnement des écosystèmes. Cependant, son influence dans l'exsudation racinaire reste inexplorée alors même que cette faune est reconnue pour avoir un impact sur la dynamique des interactions entre les plantes, les microorganismes et le sol. Afin de tester et mettre en évidence un effet de la faune du sol sur l'exsudation racinaire, nous avons développé un dispositif original pour échantillonner les exsudats dans du sol. Ce dispositif appelé ECORROOTS est dérivé des rhizoboxes sur lesquelles nous avons positionné dans le sol au niveau des racines des pièges à exsudats. Pour tester notre hypothèse du rôle de la faune du sol, nous avons comparé les patrons d'exsudations d'une poacée (*Poa annua*) sans faune du sol, avec des traitements en présence de mésofaune (collemboles : *Folsomia candida*), et/ou de macrofaune (vers de terre : *Lumbricus terrestris*). Après 9 semaines d'expérimentations, nous avons analysé par GC-HRMS les patrons d'exsudation via les données métabolomiques. Nos résultats montrent qu'il y a bien des patrons d'exsudation de *P. annua* différents en fonction de la présence et du type de faune. Les changements d'exsudation de *P. annua* les plus marqués sont visibles sur les traitements avec les vers de terre, qui sont des organismes ingénieurs de l'écosystèmes et avec une plus forte biomasse que les collemboles. Il est également à noter que les traitements qui combinent les effets collemboles et vers de terre, présentent des patrons d'exsudation différents de la somme des composés exsudés par des effets simples. L'objectif de cette présentation sera donc de mettre en avant le rôle de la faune du sol dans les études sur l'exsudation, mais aussi de discuter des verrous méthodologiques qui restent à lever afin de mieux intégrer dans les études en écologie chimique et en physiologie végétale un sol vivant et diversifié.

Comparative analysis of root exudates and bacterial communities in aeroponics and soil

Authors: Bora KIM¹, Marco BENTLAGE¹, Benjamin THIOMBIANO¹, Harro BOUWMEESTER¹, Anouk ZANCARINI^{1,2}

¹ Plant Hormone Biology group, Swammerdam Institute for Life Sciences, University of Amsterdam, SciencePark 904, 1098 XH Amsterdam, The Netherlands

² IGEPP, INRAE, Institut Agro, Univ Rennes, 35653, Le Rheu, France

Key-words: aeroponics; bacterial communities; root exudate; soil leaching; tomato

In the context of highly pressured agricultural production using low levels of inputs, cropping strategies could take advantage of plant-microbiome interactions that can improve both plant growth and health. To do so, a better comprehension of the mechanisms that drives these interactions, such as the exudation of primary and specialized metabolites by plants, is needed. However, collection and analysis of the root exudates show significant technical challenges. Indeed, root exudates are mostly studied in artificial conditions, such as in hydroponics, while they are affected by microbial presence and soil properties.

To shed light on the effect of the plant growth conditions on both the root exudate and the microbiome, in this study, wild and domesticated tomato were grown on aeroponics and two agricultural soils. Root exudates were analyzed using an untargeted LC-MS metabolomics approach, and the bacterial diversity and composition were assessed using a metabarcoding approach (16S amplicon sequencing).

First, we showed that the plant growth conditions (i.e. aeroponics vs soils) significantly affected the root exudates, but the differences observed were mainly quantitative, and not qualitative. Then, while alpha-diversity indices showed a decrease from bulk soil and rhizosphere to roots, as generally found in the literature, bacterial richness was similar in the roots under aeroponics and soil conditions. Nevertheless, the bacterial composition between the three plant growth conditions was completely different, with almost no bacterial taxa shared, whereas 80% of their predicted enzymatic functions were in common. Finally, we observed that only bacterial communities were affected by the plant genotype in our study.

Together, these results highlight the potential of aeroponics as a research tool for investigating the relationship between root exudates and root-associated microbiome, with similar diversity levels and potential functions as in soil, but allowing for perfect control over plant nutrient availability and access to the roots, which can be more challenging in soil-based studies.

Investigating the role of glucosinolates in *Arabidopsis thaliana* allelopathic interactions: development of a protocol for root exudate collect and metabolomic profiling

Authors: Oumayma MHAMDI¹, Sophie JASINSKI¹, Jean-Paul PILLOT¹, Jean-Christophe TOTOZAFY¹, Fabrice ROUX², François PERREAU¹, Alexandre DE SAINT GERMAIN¹.

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

² LIPME, INRAE, CNRS, Université de Toulouse, Castanet-Tolosan, France

Key-words: allelopathy; *Arabidopsis thaliana*; glucosinolates; LC-MS; UHPLC-QTOF

The intensive use of pesticides to control weeds and pests, has led to harmful effects on the environment and health. Allelopathy, defined as the effects of a donor plant on a receiver through the release of specialized metabolites by its roots, offers a sustainable and promising alternative to reduce this dependence on pesticides. By focusing on belowground interactions, our objective is to decipher the genetic bases of allelopathic interactions and to identify new allelochemicals using omics approaches in *Arabidopsis thaliana*.

Through allelopathy phenotyping on a large collection of sequenced *Arabidopsis* accessions and the integration of genome-wide association studies (GWAS), we have identified several regions and candidate genes that may be involved in the biosynthesis of allelochemicals, including genes associated with the metabolism of glucosinolates (GSL). These sulfur-containing compounds, commonly found in Brassicaceae, play a crucial role in plant defense against insects and diseases, as well as in allelopathic interactions between plants. Our aim is to validate candidate genes involved in GSL metabolism and to determine which metabolite(s) in root exudates is/are involved in allelopathic interactions.

In this presentation, I will focus on the root exudate metabolomic aspect. One of the main challenges lies in the low concentration of allelopathic compounds, which complicates their detection in untargeted metabolomics. To optimize the collect of root exudates, we tested various parameters, including exudation duration, as well as different metabolite concentration methods, such as solid-phase extraction (SPE) and freeze-drying, followed by UHPLC coupled with triple quadrupole mass spectrometry (<https://ijpb.versailles.inrae.fr/en/research-teams/the-plant-observatory-chemistry-metabolism/presentation>).

This protocol will allow us to identify and quantify allelochemicals in root exudates of different genotypes, i.e. to determine their “metabotype”. Association between metabotype and phenotype of wild type and mutants affected in GSL pathway will allow us to assess the role of the different metabolites in allelopathic interactions.

Harnessing soil microbiota: optimising hatching stimulation for effective biocontrol of *Heterodera carotae*

Authors: Marine BIGET, Nathan VANNIER, Kevin GAZENGEL, Bruno MARQUER, Juliette LINGLIN, Christophe LANGRUME, Catherine PORTE, Sylvain CHEREAU, Didier FOUVILLE, Sylvain FOURNET, Lionel LEBRETON and Josselin MONTARRY

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

Key-words: cyst nematode; microbiota; suicide hatching; agronomic system; *F. equiseti*

Plants coexist with a diverse array of beneficial and pathogenic organisms in the surrounding soil environment. Through root exudates, they recruit beneficial microorganisms that provide major ecological functions. Cyst nematodes, which are major crop pests, also use these exudates as hatching signals to trigger their parasitic cycle. The “suicide hatching” biocontrol strategy utilises these root exudates as a decoy, inducing the hatching of larvae in the absence of the host. In this study, we focused on the carrot cyst nematode, *Heterodera carotae* and evaluated the effectiveness of this management strategy based on its positioning within the agronomic system. Indeed, an enrichment and a specialisation of the microbial communities are expected depending on the rotation plant and can impact the biocontrol strategy. To do so, we performed three growth cycles of three plants (leek, turnip and barley) commonly cultivated in rotation with carrots, in two types of soils under controlled conditions. Cyst bags were added to these microbial enriched soils before applying carrot root exudates at two doses, with or without the corresponding plant, to compare the hatching efficiency of the product when applying during or following a cultivation. In one soil, we observed clear patterns with a greater hatching rate when the plant was present compared to the bare soil, with the highest rate recorded for barley and the lowest for the leek. These results highlighted variability in hatching efficiency depending on conditions, which we partially explained through microbial composition analyses using a metabarcoding approach targeting bacteria and fungi. Although we recorded significant specialisation of soil microbiota depending on the rotation plant, no strong correlation between microbial assemblages and hatching was demonstrated. However, we identified an unfavorable fungus (*Fusarium equiseti*), more abundant in the leek community, which may inhibit the suicide hatching strategy.

Vitiforestry : the effect of tree species and age on the composition and function of grapevine root microbiome

Authors: Anne JANOUEIX, Virginie LAUVERGEAT

EGFV, Univ. Bordeaux, Bordeaux Sciences Agro, INRAE, ISVV, F-33882, Villenave d'Ornon, Bordeaux France

Key-words: agroforestry; communication; metabarcoding; plant growth and nutrition; soil

Agroforestry, which is the combination of tree plantations with other agricultural systems, is a promising mean of improving the sustainability by offering environmental and economic benefits. In viticulture, the integration of trees into vineyards has gained attention for its potential to improve soil health. The study of the vineyard microbiome is an emerging field of science and harnessing the microbiome has the potential to increase the resilience of grapevines (*Vitis vinifera*) to climate change. Understanding the grapevine root microbiome and its dynamics is crucial for optimizing these systems. The objective of this study is to characterize the effects of tree species and age on the richness, diversity and functionality of grapevine root-associated microorganisms. Through field experimentation, we will assess the microbial communities inhabiting the soil and roots of grapevines in an agroforestry system. The effect of three tree species will be described: plum tree (*Prunus domestica*), quince tree (*Cydonia oblonga*), and maple tree (*Acer campestre*) in comparison to vines far from trees. Microbial diversity and taxonomic composition will be studied using high-throughput sequencing techniques in the bulk soil, rhizosphere and roots. The impact of trees on enzymatic activities in the soil and rhizosphere of the vine, as well as on the chemical composition of the soil, was evaluated. In parallel, vines have been phenotyped in terms of growth, nutrition, yield, and water status. The potential indirect effects (shading, moisture, competition for nutrients, etc.) and direct effects (influence of tree exudates on soil microbial composition and vine exudation) of trees will be discussed. This study will contribute to our understanding of the complex interactions between perennial species in agroforestry systems.

Restructuration des relations plante-microorganismes sous l'influence du stress thermique et hydrique, isolé ou combiné

Auteurs : Corentin MASLARD¹, Mustapha ARKOUN², Christophe SALON¹, Fanny LEROY³, Lun JING⁴, Jingjing PENG⁵, Marion PRUDENT¹

¹ Agroécologie, INRAE, Institut Agro, Univ. Bourgogne, Univ. Bourgogne Franche-Comté, F-21000 Dijon, France

² Laboratoire de Nutrition Végétale, AgroInnovation International – TIMAC AGRO, Saint Malo, France

³ Plateforme PLATIN', US EMerode, Normandie Université, Unicaen, Caen, France

⁴ Plateforme Analytique de Recherche, AgroInnovation International-TIMAC AGRO, Saint-Malo, France

⁵ College of Resources and Environmental Sciences, China Agricultural University, Beijing 100193, China

Mots-clés : multi-omiques ; soja ; exsudats ; endophytes

Dans le contexte du changement climatique, l'intensification des épisodes de sécheresse et des vagues de chaleur prédit une réduction significative des rendements du soja. En tant que légumineuse la plus cultivée au monde, il est crucial d'améliorer sa résilience pour maintenir sa productivité. Cette étude examine l'impact des stress thermiques et hydriques, seuls ou combinés, sur la nutrition et la croissance du soja, en s'intéressant à la morphologie racinaire, à l'efficacité d'absorption des nutriments et à l'environnement microbien associé. Deux géotypes de soja aux architectures racinaires contrastées ont été cultivés, au cours de leur phase végétative, sur la plateforme de phénotypage à haut débit Serres-4PMI de Dijon, sous différentes conditions climatiques, incluant des vagues de chaleur, un déficit hydrique ou la combinaison de ces deux stress.

L'approche adoptée est intégrative puisqu'elle inclut des analyses écophysiologicals (absorption d'eau, composition minérale des tissus), métaboliques, transcriptionnelles, ainsi que des analyses du microbiote. Nous avons d'abord évalué l'impact direct des stress sur les communautés microbiennes, puis analysé leur effet indirect dans différents compartiments de la plante (la phyllosphère, l'endosphère des feuilles, l'endosphère des racines, la rhizosphère et le sol nu). Par une approche de biologie des systèmes, nous avons pu identifier des métabolites exsudés par la plante et leur influence sur les communautés microbiennes associées.

Nos résultats montrent que l'effet direct des stress sur les communautés microbiennes est plus faible que l'effet indirect via la plante. De plus, bien que l'effet du géotype joue un rôle, il reste secondaire par rapport à la diversité des facteurs de stress. Il est également intéressant de noter que la combinaison des stress hydrique et thermique ne suit pas toujours un modèle additif. Par exemple, l'abondance relative des Protéobactéries dans les racines augmente uniquement sous stress hydrique, tandis que celle des Actinobactéries croît uniquement sous stress combiné.

En conclusion, cette analyse croisée révèle des informations précieuses sur l'adaptation du soja et de son microbiote au changement climatique, mettant en lumière la complexité des interactions au sein de cet holobionte.

Sugar and amino acid exhibit different spatial patterns of root exudation in response to water stress and nitrogen nutrition

Authors: Aude TIXIER, Romain BARNARD, Christian JEUDY, Marion PRUDENT

Agroécologie, AgroSup Dijon, INRAE, Université de Bourgogne, Université, Bourgogne Franche-Comté, Dijon, France

Key-words: CN allocation; root architecture; rhizodeposition; legumes

While agroecological transition has proposed the integration of nitrogen-fixing-legumes in cropping systems to reduce nitrogen (N) inputs, current agriculture faces primary limitations of water and N. It is therefore crucial to identify and hierarchize key drivers of legumes hydromineral acquisition under limiting conditions, especially the underexplored functions provided by root architecture and rhizodeposition.

We studied the response of spatial exudation patterns in pea (*Pisum sativum*) to contrasted water and N treatments. These patterns were related with structural and functional plant traits involved in carbon (C), N and water uptake, root architecture and root local C and N content. The goal was to i) identify effects of root depth and root maturity on local exudation and ii) characterize drivers of C and N allocation.

We show that younger and shallow roots tend to exudate more sugar and amino acids and that root architecture can influence exudation in response to water and N limitations. Water stress decreased productivity, induced higher C and N allocation towards roots and a sinking root architecture. It increased the C cost of soil exploration and AA exudation. Nitrate shortage had milder effect than water stress.

Our results suggest that plant adapt their root system to absorb water in deeper wet soil while optimizing its transport in older C-rich roots in response to water stress. These findings create the opportunity to explore trade-offs between water absorption, transport and exudation within the root system, using functional distinction between young absorptive permeable roots and mature conductive roots.

Biophysical drivers shaping rhizosphere dynamics

Authors: Lionel DUPUY^{1,2}

¹ NEIKER, Derio, Spain

² IKERBASQUE, Basque Foundation for Science, Bilbao, Spain

Key-words: Rhizosphere; live imaging

The biological, chemical and physical interactions taking place between a developing root, microorganisms and soil particles contribute to the formation the rhizosphere. Biological activity in the rhizosphere is thriving, which is fundamental to acquisition of resources by the plant, but its complex structure makes it difficult to fully grasp its functioning. In this talk, I will present recent efforts from our laboratory to characterise how the rhizosphere is formed. In collaboration with polymer chemists and physicists, we have developed artificial soils acting like sensors, microfluidic systems to control environmental variables in microcosm experiments, custom made microscopes with large field of view and high throughput, as well as algorithms to process the large volumes of data generated by experiments. Our systems are now able to track biological activity in the pore space and are revealing how microbes move in the soil pores, how root exudate facilitate water movements and how plant roots overcome mechanical resistance from the soil.

Intégrer le mécanisme d'allélopathie dans un modèle mécaniste simulant les interactions entre plantes cultivées et adventices

Auteurs : Delphine MOREAU¹, Aurélie BAQUET¹, Alain BOUCHEREAU², Aurélie GFELLER³, Sophie JASINSKI⁴, Oumayma MHAMDI⁴, Alexandre DE SAINT GERMAIN⁴, Nathalie COLBACH¹

¹ Agroécologie, INRAE, Institut Agro, Univ. Bourgogne, Univ. Bourgogne Franche-Comté, 21000 Dijon, France

² IGEPP, INRAE, Institut Agro, Univ Rennes, 35000 Rennes, France

³ Herbology in Field Crops and Viticulture, Plant Production Systems, Agroscope, Nyon, Switzerland

⁴ Université Paris-Saclay, INRAE, AgroParisTech, Institute Jean-Pierre Bourgin for Plant Sciences (JJPB), 78000, Versailles, France.

Mots-clés : modélisation ; allélopathie ; adventice ; métabolites spécialisés ; exsudats racinaires

La compétition pour les ressources (la lumière, l'eau et les éléments minéraux) est considérée comme le principal mécanisme par lequel les plantes cultivées peuvent réguler les adventices. L'allélopathie (vue ici comme un mécanisme par lequel une plante peut affecter la croissance d'une plante voisine par la libération de composés allélopathiques dans la rhizosphère au cours de son cycle) pourrait également jouer un rôle, et l'utilisation d'espèces allélopathiques est régulièrement proposée comme levier agroécologique pour favoriser la régulation des adventices. Cependant, peu d'éléments de preuve au champ existent pour soutenir cette idée car allélopathie et compétition se produisant simultanément, il est difficile de quantifier les effets strictement dus à l'allélopathie.

Les modèles mécanistes sont des outils précieux pour mieux comprendre les systèmes complexes, notamment pour quantifier des variables/mécanismes qui sont difficiles à mesurer au champ. Le modèle FlorSys est le seul modèle mécaniste quantifiant les effets de systèmes de culture, en interaction avec les conditions pédoclimatiques, sur la dynamique de la flore adventice plurispécifique et les impacts sur la production agricole en grande culture. Ce modèle prend en compte les phénomènes de compétition entre plantes, mais pas encore les interactions allélopathiques.

La présentation aura pour objectif de montrer le travail que nous menons actuellement pour développer un module « allélopathie » qui s'intégrera dans le modèle FlorSys, afin de rendre compte de la capacité de certaines plantes à affecter la croissance de plantes voisines par la libération de composés allélopathiques dans la rhizosphère au cours de leur cycle. Ce travail mobilise à la fois données expérimentales, bibliographiques et expertise.

A terme, il s'agira de mobiliser la nouvelle version du modèle pour déterminer dans quelle mesure utiliser des cultures à effet allélopathique peut aider à réguler les adventices au champ.

Manipuler le comportement des insectes ravageurs avec des odeurs pour développer de nouvelles stratégies de biocontrôle

Auteure : Anne Marie CORTESERO

IGEPP, INRAE, Institut Agro, Univ Rennes, 35042 Rennes

Mots-clés : Médiateurs chimiques, composés organiques volatils, *push-pull*

La sélection d'une plante hôte par un insecte phytophage est basée sur plusieurs phases comportementales qui se jouent à différentes échelles et reposent essentiellement sur des médiateurs chimiques. Ces médiateurs peuvent être émis par la plante sous la forme de composés organiques volatils (COV) et conditionner la localisation et la reconnaissance à distance. Ces mêmes COV, ainsi que d'autres composés présents à la surface de la plante, vont permettre son évaluation au contact par l'insecte et son acceptation pour la ponte ou l'alimentation.

Modifier cette communication chimique entre les plantes et les insectes peut permettre de manipuler le comportement des ravageurs des cultures et de mieux les contrôler.

Par des travaux menés en conditions contrôlées mais aussi sur le terrain, nous cherchons à identifier des médiateurs chimiques, et notamment des COV, susceptibles d'influencer la sélection de la plante et de réduire son niveau d'infestation chez différents ravageurs des brassicacées dont la mouche du chou (*Delia radicum*) et l'altise d'hiver (*Psylliodes chrysocephala*).

Méthodes de mesure de la rhizodéposition de l'azote atmosphérique par les Fabacées

Auteurs : Jean-Bernard CLIQUET

Normandie Univ, UNICAEN, INRAE, EVA, FED Normandie Végétale 4277, 14000 Caen, France

Mots-clés : Rhizodéposition ; Azote ; Fixation de l'azote atmosphérique ; Fabacées

L'utilisation de Fabacées dans les systèmes agricoles connaît un regain d'intérêt en raison de leur capacité à fixer l'azote (N) atmosphérique en symbiose avec des bactéries. En plus de permettre la production de protéines végétales et favoriser l'autonomie alimentaire, l'intégration de Fabacées dans les rotations ou en culture associée réduit l'utilisation d'engrais azotés néfastes pour l'environnement. En effet, elles ont la capacité à enrichir le sol en N et le transférer aux plantes compagnes. Plusieurs techniques ont été développées pour mesurer la rhizodéposition de l'azote, mais la plupart ne se concentrent pas sur la spécificité des Fabacées à stocker du N d'origine atmosphérique. L'objectif de cette présentation est donc de décrire les différentes méthodes qui permettent de mesurer la rhizodéposition de l'N en spécifiant celles qui permettent de distinguer l'N d'origine atmosphérique. Certaines méthodes utilisent du ^{15}N fourni au niveau de l'atmosphère (N_2 -labeling), des feuilles (leaf-feeding), de la tige (cotton-wick), des racines (split-root), ou encore du sol (méthode de dilution isotopique). D'autres utilisent la mesure de l'abondance naturelle en ^{15}N des différents compartiments mais présentent certaines limites techniques. La plupart de ces méthodes permettent de mesurer également la rhizodéposition du C par utilisation de ^{13}C . La méthode de dilution isotopique du ^{15}N couplée à l'enrichissement en ^{13}C atmosphérique apparaît la plus appropriée pour étudier la capacité des Fabacées à enrichir le sol en N et en C sur un même échantillon.

Caractérisation des vésicules extracellulaires végétales au sein des exsudats racinaires de plantules d'*Arabidopsis* et de Pois.

Auteurs : Margaux BURON, Vincent LEMAITRE, Juliette CREMER, Nolwenn GUEDES, Thomas BADOU, Marie-Christine KIEFER-MEYER, Anthony DELAUNE, Azeddine DRIOUICH, Maité VICRE et Marie-Laure FOLLET

Univ Rouen Normandie, Normandie Univ, GLYCOMEV UR 4358, SFR Normandie Végétal FED 4277, Fédération internationale « NORSEVE », F-76000 Rouen, France

Mots-clés : *Arabidopsis thaliana* ; Exsudats racinaires ; *Pisum sativum* ; Sécrétion ; Vésicules extracellulaires (VE) / Extracellular vesicles (EVs)

Les plantes sont des organismes sessiles devant s'adapter rapidement aux modifications de leur environnement. La part d'implication des processus de sécrétion protéique dits non-conventionnels dans ces phénomènes d'adaptation suscite un intérêt grandissant en biologie végétale. Alors que la sécrétion conventionnelle de protéines implique le continuum Réticulum-Golgi-Réseau trans golgien, la sécrétion non-conventionnelle des protéines (SNP) est caractérisée par un court-circuitage des unités golgiennes*. Des protéines à activités anti-microbiennes et des enzymes de synthèse et de remodelage de la paroi cellulaire peuvent être excrétées par ce processus†. La SNP pourrait constituer une variable d'ajustement rapide permettant de moduler les propriétés barrières et de signalisation de la paroi des cellules végétales.

Alors que l'implication de ce mode alternatif de sécrétion notamment *via* la production de vésicules extracellulaires (VE) est décrite lors de la perception de stress ou d'élicitation au niveau du système aérien, sa contribution à l'immunité racinaire est actuellement peu documentée‡. Dans cette étude, la caractérisation des VE d'origine racinaire et libérées dans les exsudats racinaires est initiée par des approches d'imagerie. Ce travail est conjointement mené sur la plante modèle *Arabidopsis thaliana* et une plante d'intérêt agronomique : le pois (*Pisum sativum*).

* Ambrasone *et al.*, 2023. *Plants* 12, 4141. <https://doi.org/10.3390/plants12244141>

† De la Canal and Pinedo, 2018. doi:10.1093/jxb/ery255

‡ De Palma *et al.*, 2021. doi:10.3390/plants9121777

Une approche métabolomique pour la caractérisation de la réactivité des rhizodépôts vis-à-vis des éléments en traces métalliques

Auteurs : Thibault STERCKEMAN¹, Valentin MIGNOT¹, Brice DIDELOT¹, Catherine LORGEUX², Alexandre OLRYS³, Pierre LEGLIZE¹

¹ Laboratoire Sols et Environnement, 2, avenue de la Forêt de Haye, 54505 Vandœuvre-lès-Nancy Cedex

² GeoRessources, Faculté des Sciences, Campus Aiguillettes, 54506 Vandœuvre-lès-Nancy Cedex

³ Laboratoire Agronomie et Environnement, 2, avenue de la Forêt de Haye, 54505 Vandœuvre-lès-Nancy Cedex

Mots-clés : complexation ; fer ; prélèvement racinaire ; exsudat racinaire

L'absorption des éléments en traces métalliques (ETM) par les racines dépend de leur spéciation dans la solution du sol rhizosphérique. La racine étant réputée n'absorber que les ions libres, la complexation des ETM en solution rend ceux-ci indisponibles pour le prélèvement racinaire. Cependant, dans certaines situations, le complexe peut également contribuer à la fourniture d'ions métalliques libres. Dans le but de modéliser et de prévoir l'accumulation des ETM, il semble donc pertinent d'identifier leurs ligands. Ceux-ci sont le plus souvent des molécules organiques qui proviennent des matières organiques du sol, des sécrétions de la microflore et de la rhizodéposition. En effet, certains composés exsudés sont susceptibles d'augmenter la disponibilité du fer, oligo-élément très insoluble dans le sol. En dehors de l'acide muginéique sécrété par les racines des graminées (Stratégie 2), les ligands du fer sécrétés par les autres plantes (Stratégie 1) ne sont pas identifiés. Du fait de similitudes entre les propriétés chimiques des ions métalliques, les ligands du fer pourraient donc être des ligands des ETM et ainsi influencer sur leur prélèvement. Notre objectif est d'identifier les potentiels ligands du fer exsudés par des plantes de Stratégie 1, pour mieux comprendre leur acquisition de ce nutriment et des ETM. Nous avons donc cultivé *Arabidopsis thaliana* et *Noccaea caerulea*, une espèce hyperaccumulatrice d'ETM, en hydroponie. Une moitié des plantes de chaque espèce a été soumise à une carence en fer. Nous avons collecté les exsudats racinaires pour les différentes modalités et utilisé une approche de métabolomique non ciblée (HPLC-MS et GC-MS) pour caractériser la diversité des molécules libérées par la plante. Les premiers résultats montrent que les deux espèces ont des profils métabolomiques différents. De plus, la carence en fer induit la surexpression de certains composés dont des molécules de la famille des coumarines et la sous expression d'autres, de façon différenciée pour les deux espèces. Si certains biomarqueurs de la carence en fer ont pu être annotés, nombreux sont ceux qui demeurent non identifiés. Un travail important est encore nécessaire pour l'identification des métabolites et l'évaluation de leur capacité de complexation des ions métalliques.

How are local soil availability signals integrated through uptake and rhizodeposition for plastic root growth? The new Wheat-BRIDGES model approach

Authors: Tristan GÉRAULT¹, Romain BARILLOT², Christophe PRADAL^{3,4}, Marion GAUTHIER^{1,2}, Céline RICHARD-MOLARD¹, Bruno ANDRIEU¹, Alexandra JULLIEN¹, Frédéric REES¹

¹ UMR ECOSYS, INRAE, AgroParisTech, Université Paris-Saclay, 78850 Thiverval-Grignon, France

² INRAE, UR P3F, F-86600, Lusignan, France

³ AGAP, CIRAD, INRAE, Montpellier Sup Agro, Univ Montpellier, France

⁴ CIRAD, AGAP and Inria, Zenith, Univ Montpellier, France

Key words: rhizodeposition; ecophysiology; Wheat-BRIDGES ; FSPM (Functional-Structural Plant Model); soil carbon storage

Rhizodeposition, the set of processes releasing organic compounds from living roots into soil, would play a key role in soil carbon (C) storage and nitrogen (N) mineralization, which are both essential for nutrient cycling and sustainable agricultural practices (Pausch et Kuzyakov 2018; Jones et al., 2009). Accounting for around 14% and 17% of annual C and N plant acquisition, respectively, rhizodeposits significantly impact the local availability of C and N on both root and rhizosphere sides, affecting biomass allocation for root growth, nutrient acquisition, and soil biochemical balance (Lynch 2007 ; Marschner et al., 2011).

Rhizodeposition has also been described as being very variable at local and plant scale (Oberburger et Jones 2018). However, the consequences of this local plasticity once integrated into the plant root-shoot feedback loops for autotrophy are still poorly understood in the context of heterogeneous agricultural soils (Braune et al., 2009; Andrews et Raven 2022). This cognitive lock-in is partly due to the lack of mechanistic models integrating local fluxes along roots, measured or simulated, to evaluate their significance at plant scale.

To bridge this gap, we developed Wheat-BRIDGES, the first architected Functional-Structural Plant Model (FSPM) accounting for carbon-nitrogen-water-growth cycles from the organ scale to the whole soil-root-shoot-atmosphere system. By coupling existing compartment- or resource-specific FSPMs, this model accounts for multiscale retroaction mechanisms throughout the crop cycle of spring wheat. Calibrated on experimental data from literature, this model enabled us to study more realistic and complex regulation patterns behind reported rhizodeposition plasticity.

This study focuses on spring wheat rhizodeposition during vegetative stage in a patchy soil environment. We show that the model accounts for increased lateral branching in nitrate patches as an emerging pattern of trophic C&N retroactions, correlating with increased local rhizodeposition fluxes and whole root-system rhizodeposition. Enhanced rhizodeposition in these areas was related to increased microbial activity, with contrasted effects on net C storage depending on rhizodeposits C:N ratio.

Wheat-BRIDGES provides a unique tool for scaling and analyzing the contributions of individual plant organs within the soil-plant-atmosphere system, offering valuable insights to identify scenarios favoring soil C storage supporting sustainable plant nutrition.

The white lupin CONSTITUTIVE CLUSTER ROOT 1 receptor-like kinase controls systemic shoot-to-root Autoregulation of Development

Authors: Laurence MARQUÈS¹, Fanchon DIVOL¹, Alexandra BOULTIF¹, Fanny GARCIA¹, Alexandre SORIANO^{1,2}, Cléa MAURINES-CARBONEILL¹, Virginia FERNANDEZ¹, Inge VERSTRAETEN^{1,3}, Hélène PIDON¹, Esther IZQUIERDO¹, Bárbara HUFNAGEL^{1,4} and Benjamin PÉRET¹

¹ IPSiM, Univ Montpellier, CNRS, INRAE, Institut Agro, Montpellier, France

² Present address: Unité Mixte de Recherche Amélioration Génétique et Adaptation des Plantes Méditerranéennes et Tropicales (UMR AGAP) Institut, Centre de Coopération Internationale en Recherche Agronomique Pour le Développement (CIRAD), avenue Agropolis, 34000 Montpellier, France

³ Present address: HortiRoot, Department Plants and Crops, Faculty of Bioscience Engineering, Ghent University - Coupure Links 653, B-9000 Ghent, Belgium

⁴ Present address: CIRAD, UMR AGAP Institut, F-97170 Petit-Bourg, Guadeloupe, France

Plant root development is tightly regulated in plants to optimize nutrient acquisition and interactions with soil microorganisms. In legumes, the Autoregulation of Nodulation (AoN) pathway systemically controls the proliferation of root nodules, which are energy-intensive organs. Mutations affecting the AoN pathway result in a hypernodulation phenotype accompanied by altered root development; however, it remains unclear whether this regulation of root development is systemic and coordinated with nodulation. In this study, we report the identification of the *constitutive cluster root 1* (*ccr1*) mutant in white lupin (*Lupinus albus*), which exhibits constitutive production of an excessive number of cluster roots. We demonstrate that CCR1 is the ortholog of the *Medicago truncatula* SUNN leucine-rich repeat-receptor like kinase (LRR-RLK), a key regulator of the AoN pathway and that CCR1 negatively regulates both nodule and cluster root development via a common shoot-to-root signaling pathway. Interspecific grafting experiments between white and narrow-leaved lupin (*Lupinus angustifolius*), a species incapable of producing cluster roots, show that *ccr1* shoots can induce the formation of cluster-like roots in narrow-leaved lupin rootstocks, highlighting the conservation of the CCR1-dependent signaling cascade. Transcriptomic analyses reveal that CCR1 targets the conserved regulatory module NIN/LBD16-NFYA, which connects nodule and lateral root developmental through a shared inhibitory systemic pathway. We propose that this pathway represents a broader developmental control mechanism, termed Autoregulation of Development (AoDev).

Remodelage des glycopolymères pariétaux racinaires chez *Pisum sativum* et *Vicia faba* lors des premières étapes de l'infection par *Aphanomyces euteiches*

Auteurs : Vincent LEMAITRE, Thomas BADOU, Mélanie FORTIER, Marie-Christine KIEFER-MEYER, Barbara PAWLAK, Azeddine DRIOUICH, Maïté VICRE et Marie-Laure FOLLET-GUEYE

Univ Rouen Normandie, Normandie Univ, GLYCOMEUV UR 4358, SFR Normandie Végétal FED 4277, Fédération internationale « NORSEVE », F-76000 Rouen, France

Mots-clés : *Pisum sativum* ; *Aphanomyces euteiches* ; pourriture racinaire ; paroi cellulaire ; glycomolécules

Le pois (*Pisum sativum*), membre de la famille des Fabacées, est une plante présentant un fort potentiel agricole. Ces graines riches en protéines et sa capacité à capter l'azote atmosphérique par le biais des bactéries du genre *Rhizobium* en font une plante d'intérêt. Cependant, ces cultures sont en fort déclin depuis les années 1990, pour cause, l'arrivée de l'agent pathogène *Aphanomyces euteiches*, un oomycète responsable de la maladie de la pourriture racinaire. La féverole (*Vicia faba*) est quant à elle une plante de la même famille, mais qui possède une faible sensibilité à cette maladie. Les mécanismes responsables de cette différence de sensibilité entre les deux plantes restent à éclaircir au niveau pariétal.

Lors des premières heures suivant l'infection, *A. euteiches* pénètre les tissus racinaires au niveau de la zone d'élongation. L'apex racinaire et le root extracellular trap (RET) associé sont quant à eux des régions peu colonisées aux premiers stades de l'infection. Les cellules racinaires de la zone d'élongation et notamment leur paroi, majoritairement constituée de glycopolymères, sont les premiers éléments en contact direct avec l'oomycète et subissent donc les premières modifications durant la pénétration des hyphes. Les remodelages de ces polymères restent encore peu décrits à ce jour. L'implication au niveau racinaire de glycopolymères riches en hydroxyproline (*hydroxyproline-rich glycoproteins*, HRGP), dont font partie les *arabinogalactanes proteins* (AGP) et les extensines sont susceptibles d'être remaniés et pourraient jouer ainsi un rôle dans la défense.

Dans cette étude, un comparatif est réalisé sur trois légumineuses hôtes d'*A. euteiches* : une variété de pois hautement sensible, une variété sélectionnée sur la base de QTL de tolérance à *A. euteiches* et une variété de féverole. Le but est de caractériser le remodelage précoce des glycopolymères pariétaux durant l'infection par *A. euteiches*. Dans un premier temps, l'infection est caractérisée par mesure de la surface du mycélium présent sur les racines et par quantification de l'ADN génomique de l'oomycète. Puis dans un second temps, les remodelages de ces polymères sont explorés au niveau de la zone d'élongation par des approches microscopiques d'immunocytochimie et biochimiques. Enfin une analyse transcriptomique par qPCR permet de suivre l'expression de gènes impliqués dans la biosynthèse des AGPs et des extensines.

Toward a molecular understanding of plant-plant interactions for agroecological control of fungal infections

Authors: Louis-Valentin MÉTEIGNIER, Laura MATHIEU, Inès BENAMEUR, Elsa BALLINI, Rémi PELISSIER, Jean-Benoit MOREL

PHIM Plant Health Institute, Univ Montpellier, INRAE, CIRAD, Institut Agro, IRD, Montpellier, France

Key-words: plant-plant interaction; fungal infection; root allelochemicals

Plants interact with neighboring plants through specialized metabolites released into the rhizosphere. These metabolites, known as allelochemicals, often trigger negative effects on surrounding plants, a phenomenon referred to as allelopathy. However, positive effects of these compounds are frequently observed but understudied. While the molecular mechanisms underlying allelopathy are well-documented, the molecular processes driving beneficial plant-plant interactions remain poorly understood. Our research presents unpublished data demonstrating how a major class of maize root-exuded allelochemicals reduces disease severity in neighboring rice plants through a chromatin-based regulatory mechanism in rice roots. This discovery sheds light on positive plant interactions at a molecular level. In addition to these findings, positive interactions in intraspecific plant mixtures, particularly in crops like hexaploid wheat, are common, yet the molecular mechanisms behind them are largely unknown. Using a multidisciplinary approach that integrates forward genetics, metabolomics, transcriptomics, and reverse genetics, we aim to identify the genes and molecular pathways that govern beneficial plant-plant interactions. Specifically, we focus on mechanisms that reduce disease severity caused by key pathogens in wheat. Our long-term goal is to understand how plants recognize and respond to their intraspecific neighbors, with the potential to develop novel biosolutions and optimize crop mixtures for agroecological farming systems.

Regulation of Rhizosheath Formation in Pearl Millet through Root Exudates

Authors: Abdelrahman ALAHMAD^{1,2}, MOURAD Harir³, Sylvain FOCESATO¹, Joris TULUMELLO¹, Mohamed BARAKAT¹, P-M Sitor NDOUR⁴, Carla DE LA FUENTE⁵, Philippe SCHMITT-KOPPLIN³, Laurent COURNAC^{4,6}, Laurent LAPLAZE^{5,6}, Thierry HEULIN¹, Wafa ACHOUAK¹

¹ AMU, CEA, CNRS, BIAM, Microbial Ecology of the Rhizosphere (LEMIRE), Saint-Paul-Lez-Durance

² UniLaSalle, SFR NORVEGE FED 4277, AGHYLE Rouen UP 2018.C101

³ Research Unit Analytical BioGeoChemistry, Helmholtz Munich, Neuherberg, Germany

⁴ Eco&Sols, Université de Montpellier, CIRAD, INRAE, Institut Agro, IRD FR

⁵ UMR DIADE, Université de Montpellier, IRD, CIRAD, Montpellier, France

⁶ LMI LAPSE, Centre de Recherche ISRA-IRD de Bel Air, Dakar, Sénégal

Key-words: Pearl millet; exudates; soil aggregation; microbiota; carbon storage

The rhizosheath, a cohesive soil layer firmly adhering to plant roots, plays a vital role in facilitating water and mineral uptake. Using genome wide association (GWAS) combined with bulk segregant analysis and gene expression studies in pearl millet, rhizosheath formation was shown to be under complex genetic control in pearl millet and suggests that it is mainly regulated by root exudation. We investigated the impact of root exudates on the microbiota composition, interactions, and assembly processes, and rhizosheath structure in pearl millet using four distinct lines with contrasting soil aggregation abilities. Utilizing 16S rRNA gene and ITS metabarcoding for microbiota profiling, coupled with FTICR-MS metabolomic analysis of metabolite composition in distinct plant compartments and root exudates, we revealed substantial disparities in microbial diversity and interaction networks. The β -NTI analysis highlighted bacterial rhizosphere turnover driven primarily by deterministic processes, showcasing prevalent homogeneous selection in root tissue (RT) and root-adhering soil (RAS). Conversely, fungal communities were more influenced by stochastic processes. In bulk soil assembly, a combination of deterministic and stochastic mechanisms shapes composition, with deterministic factors exerting a more pronounced role. Metabolic profiles across shoots, RT, and RAS in different pearl millet lines mirrored their soil aggregation levels, emphasizing the impact of inherent plant traits on microbiota composition and unique metabolic profiles in RT and exudates. Notably, exclusive presence of antimicrobial compounds, including DIMBOA and H-DIMBOA, emerged in root exudates and RT of low aggregation lines. Moreover, using a conceptual model and data from the two carbon isotopes' measurements, we evidenced a priming effect for all pearl millet lines. Importantly, the priming effect amplitude ($C_{lost} = C_{new}$ ratio) was higher for the low-aggregating lines than for the high-aggregating ones, indicating a better C sequestration potential of the latter.

These findings underscore the interconnectedness of root exudates and microbiota, which jointly shape rhizosheath structure, deepening insights into soil-plant-microbe interactions and ecological processes shaping rhizosphere microbial communities. Deciphering plant-microbe interactions and their contribution to soil aggregation and microbiota dynamics holds promise for carbon storage in soils.

Coupling plant physiology and pest demography to understand plant-nematode interactions

Authors: Joseph PENLAP^{1,2}, Suzanne TOUZEAU^{1,2}, Valentina BALDAZZI^{1,2} and Frédéric GROGNARD¹

¹ Inria, Equipe Macbes, Sophia Antipolis, France

² INRAE, Institut Sophia Agrobiotech, Sophia Antipolis

Key-words: plant modeling; population dynamics; root-knot nematode

Root-knot nematodes (RKN) of the genus *Meloidogyne spp.* cause considerable yield losses in numerous crops worldwide. The dynamics and outcomes of crop-pest interactions depend on the ecological conditions, including the phenotypes of the interacting species, their physiology and the abiotic environment.

In theoretical ecology, most mathematical models that describe these interactions either focus on plant physiology and do not consider pest dynamics, or conversely are based on the pest life cycle but neglect plant physiology and defense response. We are particularly interested in understanding the mechanisms that underlie plant tolerance, that is the ability of plants to sustain RKN infestation with limited yield losses.

To do this, we built a mechanistic model of plant-RKN interactions that explicitly couples plant physiology and pest demography, including both the known effect of pests on crop and crop on pests. Based on a detailed description of resource acquisition and transport, the plant model represents both vegetative and reproductive phase.

The RKN model includes the free-living larval stage and the nematode development stages within the plant root. The model was calibrated on two plant species, tomato and pepper, with and without nematode inoculation. Model calibration is a challenge, as it relies on heterogeneous and fairly scarce data. Indeed, plant experiments focusing on roots are necessarily destructive, hence the scarcity of data and the need to incorporate data from different experimental sources.

The model was then used to analyse the complex interplay between plant physiological traits, phenology and nematode biology that affects system dynamics. Eventually, the model will help to identify the plant traits that characterize susceptible and tolerant plants, opening new perspectives for varietal selection.

Rôle du piège extracellulaire de racine de deux Fabacées dans l'accessibilité de microorganismes telluriques à l'apex racinaire

Auteurs : Alexia GAUDRY¹, Magalie BÉNARD², Agnès ATTARD³, Eric NGUEMA-ONA⁴, Azeddine DRIOUICH¹, Barbara PAWLAK¹

¹ Univ Rouen Normandie, Normandie Univ, GLYCOMEV UR 4358, SFR Normandie Végétal FED 4277, F-76000 Rouen, France

² Univ Rouen Normandie, Inserm, CNRS, Normandie Univ, HERACLES US 51 UAR 2026, PRIMACEN, F-76000 Rouen, France

³ INRAE, Université Côte d'Azur, CNRS, Institut Sophia Agrobiotech, Sophia Antipolis, F-06903, France

⁴ CMI-Roullier, Plant Nutrition Department, Crop Management Under Biotic and Abiotic Stress Group, F-35400 Saint Malo, France

Mots-clés : piège extracellulaire de racine ; interactions plante-microorganismes ; Fabaceae ; rhizobactéries bénéfiques ; *Phytophthora parasitica*

Les légumineuses, comme le soja (*Glycine max*) et le pois (*Pisum sativum*), occupent une place importante dans le paysage agricole en raison de leurs graines riches en protéines, largement utilisées dans l'alimentation humaine et animale. Elles contribuent également aux nouvelles pratiques culturales plus durables, en particulier lorsqu'elles sont utilisées comme engrais verts ou intégrées dans la rotation des cultures^{*}.

Il est actuellement bien établi que le développement et la santé des plantes dépendent largement des interactions racines-microorganismes du sol. Les cellules de la coiffe racinaire ainsi que les cellules bordantes et apparentées (AC-DC[†]), libèrent dans la rhizosphère divers composés organiques^{‡,§}. Ces cellules et une partie de leurs sécrétions forment un réseau complexe et dynamique appelé piège extracellulaire de racine (RET^{**})^{††} qui joue un rôle central dans les interactions plante-microorganismes et l'immunité racinaire^{‡‡,§§,***}. Toutefois, peu de travaux se sont intéressés à l'influence du RET sur l'accès des microorganismes à la racine. Ainsi, dans ce travail, nous avons étudié le rôle du RET du soja et du pois dans les interactions avec trois microorganismes du sol (deux rhizobactéries bénéfiques, *Bacillus subtilis* et *Pseudomonas fluorescens* et les zoospores de *Phytophthora parasitica*) en examinant son impact sur le comportement microbien par des observations au microscope et des analyses d'images.

Les résultats montrent que le RET affecte l'accès des microorganismes à l'extrémité de la racine et modifie de manière significative leurs vitesses et trajectoires. Ainsi, nous avons notamment observé qu'au sein du RET, la vitesse de déplacement de *B. subtilis* et des zoospores de *P. parasitica* est réduite d'un facteur trois et neuf respectivement. En revanche, à l'extérieur du RET, la vitesse de *B. subtilis* reste inchangée, tandis que celle des zoospores diminue de moitié. Un modèle résumant nos observations est proposé, mettant en évidence l'influence du RET sur le déplacement microbien et son rôle dans le contrôle des interactions plante-microorganismes dans la rhizosphère, notamment lors des stades précoces de la colonisation racinaire par les microorganismes.

* Duchene *et al.*, 2017. <https://doi.org/10.1016/j.agee.2017.02.019>

† AC-DC : *root associated cap-derived cell* ou cellules bordantes et apparentées

‡ Ropitiaux *et al.*, 2019. <https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2019.03.023>

§ Canarini *et al.*, 2019. <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.00157>

** RET : *root extracellular trap* ou piège extracellulaire de racine

†† Driouich *et al.*, 2013. <https://doi.org/10.1016/j.pbi.2013.06.010>

‡‡ Tran *et al.*, 2016. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1005686>

§§ Ropitiaux *et al.*, 2020. <https://doi.org/10.3390/cells9102215>

*** Shirakawa *et al.*, 2023. <https://doi.org/10.1007/s00425-023-04274-1>

Un score de “*love match*” pour comparer les réponses physiologiques de rhizobactéries bénéfiques pour les plantes aux exsudats racinaires

Auteurs : Eulalie FOURNEAU¹, Mélissa PANNIER¹, Wassila RIAH², Emmanuelle PERSONENI³, Annette MORVAN-BERTRAND³, Josselin BODILIS¹ & Barbara PAWLAK¹

¹ Univ Rouen Normandie, Normandie Univ, GLYCOMEV UR 4358, SFR Normandie Végétal FED 4277, F-76000 Rouen, France

² UniLaSalle Rouen, UR AGHYLE, UP2018.C101, SFR Normandie Végétal FED 4277, Mont-Saint-Aignan, France

³ Univ Caen Normandie, Normandie Univ, INRAE, UMR 950 EVA, SFR Normandie Végétal FED 4277, Caen, France

Mots-clés : Rhizobactéries bénéfiques pour les plantes ; exsudats racinaires ; microbiote rhizosphérique ; chimiotactisme ; croissance bactérienne

La rhizosphère est la zone de sol entourant les racines des plantes qui est directement influencée par les exsudats racinaires libérés par la plante. Ces exsudats sélectionnent les microorganismes du sol et le microbiote rhizosphérique qui en résulte joue un rôle clé dans la santé et le développement de la plante en améliorant sa nutrition ou sa réponse immunitaire et en la protégeant des stress biotiques ou abiotiques*. En particulier, les rhizobactéries bénéfiques pour les plantes, appelées PGPR (*Plant Growth-Promoting Rhizobacteria*), appartiennent à ce microbiote et représentent un grand espoir pour l'agroécologie par leur utilisation en tant que bioinoculants†. Dans ce cadre, il est cependant nécessaire de déchiffrer le dialogue moléculaire entre les racines et les PGPR afin de promouvoir efficacement leur établissement dans la rhizosphère.

La capacité des exsudats racinaires de colza (*Brassica napus*), de pois (*Pisum sativum*) et de ray-grass (*Lolium perenne*) à attirer et nourrir trois PGPR (*Bacillus subtilis* ATCC 6633, *Pseudomonas fluorescens* ATCC 17400 et *Azospirillum brasilense* Sp245) a été mesurée et comparée, ces comportements étant directement impliqués dans l'installation du microbiote rhizosphérique.

Des réponses différentes ont été observées entre les trois PGPR et les trois plantes. Néanmoins, pour toutes ces bactéries, les exsudats de colza sont les plus attractifs et induisent la croissance la plus rapide, tandis que les exsudats de pois permettent la production de biomasse la plus élevée. Les performances des exsudats de ray-grass sont généralement plus faibles, et des réponses variables ont été observées entre les bactéries. Si l'on compare les PGPR, *P. fluorescens* et *A. brasilense* semblent répondre plus efficacement aux exsudats racinaires que *B. subtilis*. Afin de hiérarchiser ces résultats, nous proposons d'évaluer la compatibilité de chaque couple plante-PGPR en leur attribuant un score de « *love match* », qui reflète la capacité des exsudats racinaires à améliorer la rhizocompétence bactérienne‡.

Ainsi, nos résultats mettent en évidence la sélection spécifique des PGPR par la plante à travers ses exsudats racinaires, et pourraient aider à sélectionner les exsudats les plus efficaces pour promouvoir l'établissement de bioinoculants dans la rhizosphère.

* Qu *et al.*, 2020. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 68.18 : 5024-5038. doi : 10.1021/acs.jafc.0c00073

† Orozco-Mosqueda *et al.*, 2021. *Agronomy* 11.6 : 1167. doi : 10.3390/agronomy11061167

‡ Fourneau *et al.*, 2024. *Frontiers in Microbiology* 15. doi : 10.3389/fmicb.2024.1473099

Unraveling the spatial and temporal dynamics of root signaling during the early phases of oomycete infection

Authors: Naïma MINET^{*1}, Joëlle LE BERRE^{*1}, Marie-Line KUHN¹, Corinne RANCUREL¹, Laure BOEGLIN¹, Philippe THOMEN², Céline COHEN², Xavier NOBLIN², Georges DE SOUSA¹, Aurélie SEASSAU¹, Éric GALIANA³, and Agnès ATTARD¹

¹ Institut Sophia Agrobiotech, ISA, INRAE Université Côte d'Azur, Sophia Antipolis, France

² Institut de Physique de Nice, INPHYNI, NICE, France

Key-words: Root signals; Pathogen attraction; Oomycete; Exudates

Plant pathogens have evolved a wide range of strategies to colonize surfaces and invade host tissues. However, current knowledge of molecular events regulating the attraction to the host and penetration into the first plant cell layers remains limited^{*}. To identify the plant signals and cellular functions involved in these key regulatory events, we conducted a multidisciplinary study on the rhizospheric interaction between the soil-borne oomycete *Phytophthora parasitica* and the model plant *Arabidopsis thaliana*[†]. Based on this interaction, we developed new tools dedicated to the microscale spatiotemporal phenotyping of zoospore behavior during swimming and colonization of the root surfaces^{‡,§}. In addition, we characterized the transcriptomes of both roots and *P. parasitica* during the attraction phase and initiated a metabolomic analysis of root exudate composition. We demonstrated (i) that the zoospores aggregate on the root within the first minute after inoculation, providing an opportunity to analyze plant signaling, (ii) that zoospore movement is guided by ion gradients in the rhizosphere, and (iii) that both roots and zoospores trigger transcriptomic changes during the attraction phase. The implications of these results for understanding the early stages of infection, on short spatiotemporal scales, and their use for disease control will be discussed.

^{*} Bassani *et al.*, 2020. *Microorganisms*. doi: 10.3390/microorganisms8071012

[†] Le Berre *et al.*, 2017. *PLoS One* 12(12):e0190341. doi:10.1371/journal.pone.0190341

[‡] Cohen *et al.*, 2023. *bioRxiv* 2023.06.21.545863. doi: <https://doi.org/10.1101/2023.06.21.545863>

[§] Lupatelli *et al.*, 2023. *Comput Struct Biotechnol J* 21:5640-5649. doi: 10.1016/j.csbj.2023.10.055

Liste des participants

NOM	Prénom	Email	Affiliation	Résumé
ACHOUAK	Wafa	wafa.achouak@cea.fr	CNRS, BIA, St-Paul-lez-Durance	p26
ATTARD	Agnès	agnes.attard@inrae.fr	INRAE, ISA, Sophia	p30
BALDAZZI	Valentina	valentina.baldazzi@inrae.fr	INRAE, ISA, Sophia	p27
BAQUET	Aurélié	aurelie.baquet@inrae.fr	INRAE, Agroécologie, Dijon	
BIGET	Marine	marine.biget@inrae.fr	INRAE, IGEPP, Rennes	p12
BODILIS	Josselin	josselin.bodilis@univ-rouen.fr	Université, GlycoMEV, Rouen	
BOEGLIN	Laure	laure.boeglin@inrae.fr	INRAE, ISA, Sophia	
BÖHM	Victoria	victoria.bohm@univ-rouen.fr	Université, ECODIV, Rouen	p9
BOUCHEREAU	Alain	alain.bouchereau@univ-rennes.fr	Université, IGEPP, Rennes	
CHÉREAU	Sylvain	sylvain.chereau@inrae.fr	INRAE, IGEPP, Rennes	
CLIQUET	Jean-Bernard	jean-bernard.cliquet@unicaen.fr	Université, EVA, Caen	p19
CORTESERO	Anne Marie	anne-marie.cortesero@univ-rennes.fr	Université, IGEPP, Rennes	p18
COUDERC	Jeanne	jeanne2503.couderc@gmail.com	INRAE, IGEPP, Rennes	
DELLERO	Younès	younes.dellero@inrae.fr	INRAE, IGEPP, Rennes	
DINANT	Sylvie	sylvie.dinant@inrae.fr	INRAE, IJPB, Versailles	
DUPUY	Lionel	ldupuy@neiker.eus	NECKER, Bilbao	p16
FOLLET	Marie-Laure	marie-laure.follet-gueye@univ-rouen.fr	Université, GlycoMEV, Rouen	p20
FOREY	Estelle	estelle.forey@univ-rouen.fr	Université, ECODIV, Rouen	p9
FOURNEAU	Eulalie	eulalie.fourneau1@univ-rouen.fr	Université, GlycoMEV, Rouen	p29
FOURNET	Sylvain	sylvain.fournet@inrae.fr	INRAE, IGEPP, Rennes	
GAUDRY	Alexia	alexia.gaudry2@univ-rouen.fr	Université, GlycoMEV, Rouen	p28
GÉRAULT	Tristan	tristan.gerault@inrae.fr	INRAE, EcoSys, Palaiseau	p22
GOUX	Didier	didier.goux@unicaen.fr	Université, CMAbio3, Caen	
GRENIER	Eric	eric.grenier@inrae.fr	INRAE, IGEPP, Rennes	
JANOUEIX	Anne	anne.janoueix@inrae.fr	INRAE, EGFV, Bordeaux	p13
JASINSKI	Sophie	sophie.jasinski@inrae.fr	INRAE, IJPB, Versailles	
LANGRUME	Christophe	christophe.langrume@inrae.fr	INRAE, IGEPP, Rennes	
LARTIGUE	Silène	silene.lartigue@inrae.fr	INRAE, ISA, Sophia	
LAUVERGEAT	Virginie	virginie.lauvergeat@inrae.fr	Université, EGFV, Bordeaux	
LAVAUD	Clément	clement.lavaud@geves.fr	BioGeves, Rennes	
LE BOULCH	Pauline	pauline.le-boulch@inrae.fr	INRAE, IGEPP, Rennes	
LEBRETON	Lionel	lionel.lebreton@inrae.fr	INRAE, IGEPP, Rennes	
LEMAITRE	Vincent	vincent.lemaitre6@univ-rouen.fr	Université, GlycoMEV, Rouen	p24
LESNÉ	Angélique	angelique.lesne@inrae.fr	INRAE, IGEPP, Rennes	
MANTELIN	Sophie	sophie.mantelin@inrae.fr	INRAE, ISA, Sophia	
MASLARD	Corentin	corentin.maslard@inrae.fr	INRAE, Agroécologie, Dijon	p14
MÉTEIGNIER	Louis-Valentin	louis-valentin.meteignier@inrae.fr	INRAE, PHIM, Montpellier	p25
MHAMDI	Oumayma	oumayma.mhamdi@inrae.fr	INRAE, IJPB, Versailles	p11
MONTARRY	Josselin	josselin.montarry@inrae.fr	INRAE, IGEPP, Rennes	
MOREAU	Delphine	delphine.moreau@inrae.fr	INRAE, Agroécologie, Dijon	p17
MORVAN-BERTRAND	Annette	annette.bertrand@unicaen.fr	Université, EVA, Caen	
PAWLAK	Barbara	barbara.pawlak@univ-rouen.fr	Université, GlycoMEV, Rouen	
PELTIER	Jean-Benoît	jean-benoit.peltier@inrae.fr	INRAE, IPSIM, Montpellier	
PÉRET	Benjamin	benjamin.peret@cnrs.fr	CNRS, IPSIM, Montpellier	p23
PERREAU	François	francois.perreau@inrae.fr	INRAE, IJPB, Versailles	
PERSONENI	Emmanuelle	emmanuelle.personeni@unicaen.fr	Université, EVA, Caen	p8
PILET-NAYEL	Marie-Laure	marie-laure.pilet-nayel@inrae.fr	INRAE, IGEPP, Rennes	
REES	Frédéric	frederic.rees@inrae.fr	INRAE, EcoSys, Palaiseau	
RENAULT	Lauriane	lauriane.renault@inrae.fr	INRAE, IGEPP, Rennes	
DE SAINT GERMAIN	Alexandre	alexandre.de-saint-germain@inrae.fr	INRAE, IJPB, Versailles	
STERCKEMAN	Thibault	thibault.sterckeman@univ-lorraine.fr	INRAE, LSE, Nancy	p21
TIXIER	Aude	aude.tixier@inrae.fr	INRAE, Agroécologie, Dijon	p15
VANNIER	Nathan	nathan.vannier@inrae.fr	INRAE, IGEPP, Rennes	
VICRÉ	Maïté	maite.vicre@univ-rouen.fr	Université, GlycoMEV, Rouen	
ZANCARINI	Anouk	anouk.zancarini@inrae.fr	INRAE, IGEPP, Rennes	p10