



HAL
open science

Diversity of N₂O reducers matters for the relative proportion of N₂O emitted across cropping systems by denitrification

Luiz Domeignoz-Horta, Aymé Spor, David Bru, Marie-Christine Breuil,
Florian Bizouard, Joël J. Léonard, Laurent L. Philippot

► To cite this version:

Luiz Domeignoz-Horta, Aymé Spor, David Bru, Marie-Christine Breuil, Florian Bizouard, et al.. Diversity of N₂O reducers matters for the relative proportion of N₂O emitted across cropping systems by denitrification. 5. Journée des Doctorants de l'UMR 1347 Agroécologie, Institut National de la Recherche Agronomique (INRA). FRA., Mar 2016, Dijon, France. hal-02794452

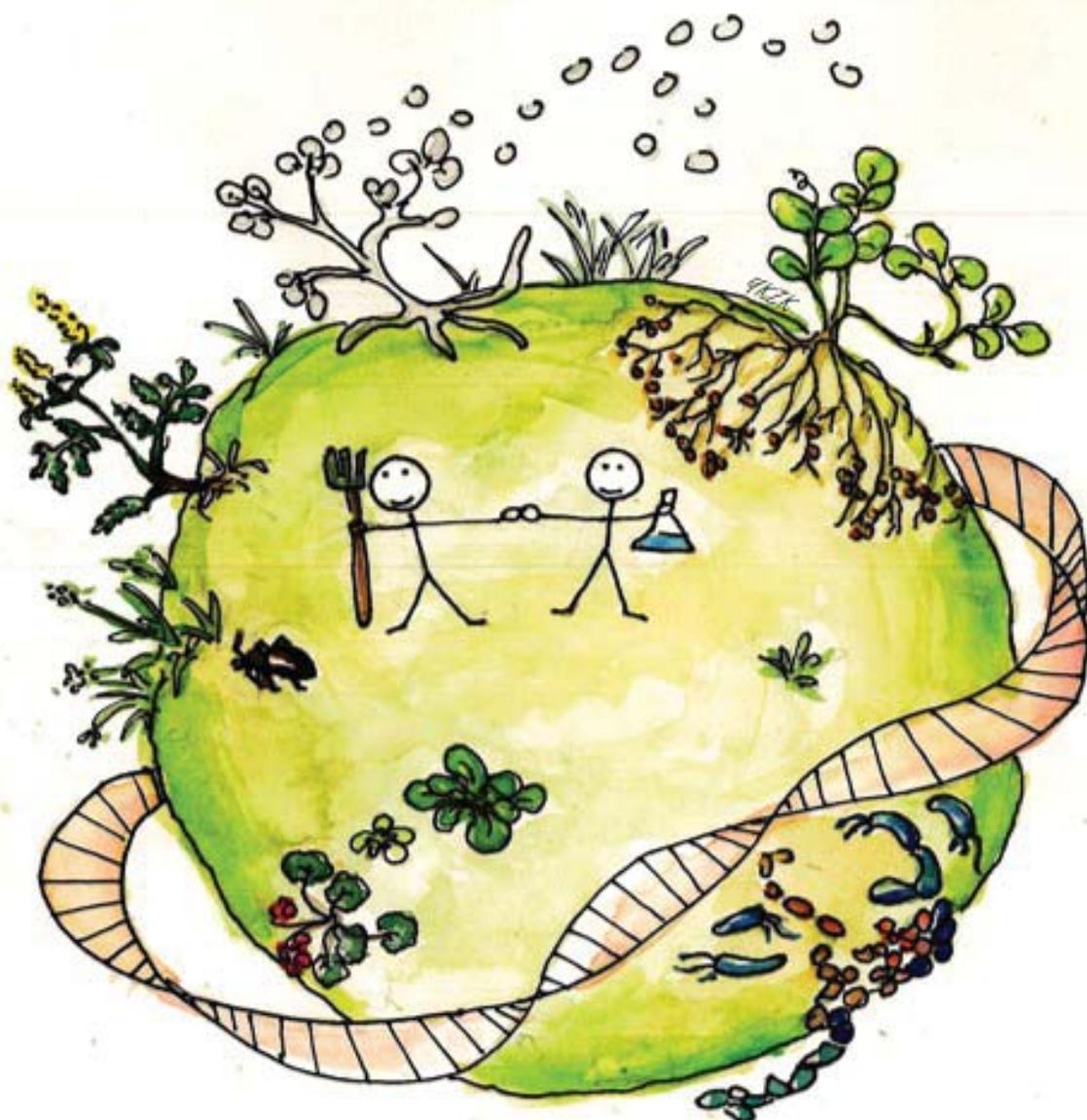
HAL Id: hal-02794452

<https://hal.inrae.fr/hal-02794452>

Submitted on 5 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



Journée des Doctorants

Lundi 14 Mars (9 h -14h)

Amphi Ampère – Bât. Gabriel

Au programme : 8 posters, 11 présentations orales dont 1 invité surprise + 1 buffet

Contacts : carole.pfister@dijon.inra.fr; jeremie.zerbib@dijon.inra.fr

Diversity of N₂O reducers matters for the relative proportion of N₂O emitted across cropping systems by denitrification

Luiz Domeignoz-Horta, A. Spor, D. Bru, M.C. Breuil, F. Bizouard, J. Léonard, Laurent Philippot

INRA, UMR 1347 Agroécologie, F-21065 Dijon cedex, France

Agriculture is the main source of terrestrial emissions of N₂O, a potent greenhouse gas and the main cause of ozone layer depletion. The reduction of N₂O into N₂ by microorganisms carrying the nitrous oxide reductase gene (*nosZ*) is the only biological process known to eliminate this greenhouse gas. Recent studies showed that a previously unknown clade of N₂O-reducers was related to the capacity of the soil to act as an N₂O sink, opening the way for new strategies to mitigate emissions. Here, we investigated whether the agricultural practices could differently influence the two N₂O reducer clades with consequences for denitrification end-products. The abundance of N₂O-reducers and producers was quantified by real-time PCR, and the diversity of both *nosZ* clades was determined by 454 pyrosequencing. Potential N₂O emissions and potential denitrification activity were used to calculate the N₂O emission ratio. Overall, the results showed limited differences between management practices but there were significant differences between cropping systems in both the abundance and structure of the *nosZII* community, as well as in the N₂O emission ratio. More limited differences were observed in the *nosZI* community, suggesting that the newly identified *nosZII* clade is more sensitive than *nosZI* to environmental changes. Potential denitrification activity and potential N₂O emissions were explained mainly by the soil properties while the diversity of the *nosZII* clade on its own explained 26 percent of the proportion of N₂O emitted, which highlights the importance of understanding the ecology of this newly identified clade of N₂O reducers for mitigation strategies.

Key words : N₂O, denitrification, microorganisms diversity, greenhouse gas, nitrous oxide reductase

L'adaptation du bleuet dans différents compartiments du paysage agricole

Alrustom Bachar^{1,2}, Guillemin JP. ², Darmency H. ¹

¹ INRA, UMR1347 Agroécologie, F-21000 Dijon, France,

² AgroSup Dijon, UMR1347 Agroécologie, F-21000 Dijon, France

(balrustom@dijon.inra.fr)

Les agroécosystèmes font partie des milieux les plus touchés par le déclin de la diversité biologique lié à l'intensification de différentes pratiques agricoles. L'étude de la flore adventice hébergée dans la parcelle montre une régression comme certaines espèces telles que le bleuet (*Cyanus segetum* L.). Afin de déterminer des facteurs qui influencent la présence du bleuet dans un milieu agricole, des semences de bleuet ont été semées dans quatre compartiments d'une parcelle cultivée non désherbée (bordure herbacée BH, interface I, fourrière F, plein champ PC) de deux cultures d'hiver (blé et moutarde) à l'automne et au printemps. La cohorte d'automne montre un taux d'établissement plus élevé que celle de printemps. Les plantes s'établissant au printemps sont les moins développées. Les bleuets les plus développés et avec les rapports biomasse/hauteur les plus élevés sont présents en F et PC de la culture de blé, alors qu'on les trouve en I de la moutarde à cause de la compétition plus forte en F et PC. Les plantes présentes en I sont plus ramifiées que celles dans les autres compartiments, donc plus florifères. L'interface pourrait être considérée comme une zone de refuge pour le bleuet grâce à la faible compétition avec d'autres plantes et l'application des herbicides moins efficace. La bordure herbacée est un compartiment hostile au bleuet dès la levée qui rend cette espèce typiquement liée aux champs cultivés.

Mots clés : agroécosystèmes, flores adventices, bleuet, *Centaurea cyanus*, compétition, compartiments, milieu agricole, adaptation.

Aide à la structuration de filières végétales et animales en région Bourgogne-Franche Comté, par une offre et des usages innovants, durables et plus autonomes de protéines végétales.

Animateurs PSDR4 Bourgogne Franche-Comté: **Gérard Duc** (UMR Agroécologie) et **Mathilde Astier** (UMR Agroécologie)

Les acteurs chercheurs-professions-politiques de Bourgogne et Franche Comté, engagés sur la production de protéines végétales et leur utilisation en alimentation animale et humaine, ont convenu de construire une action PSDR 4 visant le développement et la triple performance économique-environnementale-sociale de cette filière importante pour l'activité du territoire.

Ce programme PSDR 4 possède deux projets : un projet sur l'adaptation pédoclimatique, impacts environnementaux et valeur économique des systèmes de culture durables producteurs de protéines (ProSys) et un projet sur la polyculture-élevage à l'échelle des exploitations et des territoires (POEETE).

Une animation transversale construit sur 5 ans une arène de réflexion sur le territoire Bourgogne Franche-Comté entre les professionnels (réseau d'agriculteurs, collecteurs, plateformes d'essais, industriels etc.), les structures de développement (Instituts techniques, Chambre d'Agriculture, interprofessions, RMT, etc.) et les différents projets de recherche et développement, générateurs de nouvelles références et d'innovations en matière de légumineuses. Il s'agit, sur la base de séminaires, diagnostics, témoignages et expertises (i) de construire des réseaux d'acteurs des filières en incluant amont et aval, participant ainsi à de nouveaux modes d'organisation sources de dynamiques territoriales (ii) d'analyser les attentes (consommateur, société, environnement, alimentation...)(iii) d'analyser les freins et de détecter les leviers à la production de légumineuses (iv) de co-innover et co-évaluer des innovations et leurs impacts (v) et de développer une communication sur des résultats et des références partagées vers différents publics étudiants-professionnels-société ; afin d'organiser la filière et ses acteurs.

Mots clés : Protéines, systèmes de culture, innovation, filières végétales et animales, légumineuses, alimentation humaine, changement climatique, environnement, écologie, durabilité, autonomie, économie, territoire, liens acteurs-recherche-société, filières amont-aval, polyculture élevage.

Infestation de *Rhamphicarpa fistulosa* (Hoschst.) Benth. en riziculture de bas-fonds au nord du Togo

Tossimidé Houngbédji^{a,b}, Bernard Nicolardot^c, Jacqui A. Shykoff^d, Fabrice Dessaint^a, Stéphanie Gibot-Leclerc^c

(a) INRA, UMR1347 Agroécologie, F-21000, Dijon, France

(b) ITRA/CRAL, BP 1163, Lomé, Togo

(c) AgroSup Dijon, UMR1347 Agroécologie, F-21000, Dijon, France

(d) Ecologie Systématique Evolution, CNRS, Univ. Paris-Sud, AgroParisTech, Université Paris-Saclay, 91400, Orsay, France

Le riz constitue de nos jours la base alimentaire de plus de 2,5 milliards de personnes en Afrique subsaharienne où sa demande ne cesse de croître. Pour faire face à cette demande qui dépasse souvent doublement les productions nationales, et pour diminuer ses importations sans cesse croissantes, le Togo à l'instar des pays ouest-Africains a élaboré un document stratégique qui mise sur l'extension et la productivité des rizières de bas-fond. Malheureusement, les bas-fonds rizicoles en Afrique tropicale sont souvent confrontés à la pression des adventices et plus particulièrement des adventices parasites de la famille des Orobanchaceae.

Rhamphicarpa fistulosa, plante hémiparasite épirhize et facultative rencontrée dans les bas-fonds et plaines alluviales en Afrique tropicale est de plus en plus reportée comme une contrainte biotique majeure en riziculture de bas-fond. Des prospections réalisées en 2012 et 2013 au Nord du Togo ont permis de recenser 80% de 43 bas-fonds rizicoles infestés par *R. fistulosa*. Diverses analyses statistiques réalisées sur des données floristiques et d'enquêtes collectées sur le terrain ont permis de déterminer 1) l'influence potentielle des facteurs environnements et pratiques culturelles sur la distribution et la sévérité de l'infestation et 2) l'impact du niveau d'infestation sur la diversité et la structure de la communauté adventice du riz. D'autre part, des expérimentations in situ, in vitro et en serre ont permis de déterminer la performance reproductive de *R. fistulosa* sur ces différents hôtes cultivées/ adventices et l'impact du parasitisme sur les caractéristiques agronomiques des hôtes. En perspective, l'étude permet aussi d'identifier les potentielles méthodes de gestion intégrée de cette plante parasite en riziculture de bas-fond.

Mots clés : *Rhamphicarpa fistulosa*, Plante parasite, infestation, communauté végétale, structure.

Fonctionnement d'une population dans une mosaïque agricole : Cas des carabidés prédateurs de graines d'adventices

Sarah LABRUYERE, Benoit RICCI et Sandrine PETIT

INRA Dijon, UMR 1347 Agroécologie, Pôle Gestion durable des Adventices, 17 rue Sully BP
86510 21065 Dijon Cedex

Le contexte actuel engage les acteurs agricoles à tenter de développer une agriculture qui respecte les principes du développement durable. Un des moyens explorés est de favoriser les services écosystémiques et particulièrement les régulations biologiques des ravageurs via les auxiliaires de cultures. Il a été démontré par différents auteurs que la prédation des graines d'adventices par les Coléoptères carabidés a été considérée comme un service écosystémique ayant un potentiel important. Afin de promouvoir ce service, il semble indispensable d'obtenir une plus grande abondance de carabes dans les parcelles agricoles au moment de la pluie de graines. Après avoir démontré que la présence de colza et de prairies à différentes échelles spatiales ont une influence sur l'abondance de carabes, l'étude présentée ici a pour objectif de mieux comprendre l'utilisation de la mosaïque agricole de 3 espèces particulières via une mesure de la qualité d'habitat. Les résultats montrent que le colza a une grande importance dans la mosaïque agricole avec une plus grande abondance et un statut nutritionnel plus important et également que la présence d'une bordure pérenne au voisinage proche des cultures peut également influencer le statut nutritionnel des carabes. Un suivi des flux entre colza, céréales et bordures pérennes sera nécessaire par la suite pour étudier plus en profondeur la distribution spatio-temporelle des carabes et le rôle joué par ces différents habitats.

Mots-Clés : Carabidae, Paysage agricole, Service écosystémique, Abondance, Statut nutritionnel, Agroécologie.

Proxi-détection des adventices par imagerie aérienne

Mathilde Louargant (1), N. Vigneau(2), G. Jones(1), S. Villette(1), C. Gée (1)

(1) Equipe Agriculture de précision - UMR 1347 Agroécologie, AgroSup Dijon/INRA

(2) AIRINOV SAS

Dans un objectif de réduction des quantités de produits phytosanitaires utilisés en agriculture, il devient nécessaire de proposer de nouveaux outils permettant de gérer avec précision les parcelles agricoles. La société AIRINOV, spécialisée dans l'acquisition et le traitement d'images aériennes pour l'agriculture souhaite ainsi créer un nouveau service de gestion des adventices. Dans ce cadre, cette thèse a pour objectif de développer une méthode de localisation d'avertices à partir d'images acquises par drone. Dans un premier temps, le travail s'est focalisé sur les cultures sarclées.

Le potentiel de détection du système d'acquisition a d'abord été évalué en modélisant l'ensemble de la chaîne d'acquisition. Une méthode de localisation d'avertices a ensuite été proposée, pour laquelle deux types d'informations sont exploités. Tout d'abord, l'information spatiale, basée sur l'analyse de la distribution spatiale de la végétation sur les images, permet d'identifier les rangs de culture et d'en déduire la localisation des adventices. Ensuite, l'information spectrale permet de compléter la première analyse en discriminant culture et adventices selon leur réflectance. En combinant ces informations, des cartes d'infestation ont pu être créées.

Grâce à la connaissance exacte de la localisation des adventices sur la parcelle, une gestion localisée pourra être mise en place (i.e. pulvérisation localisée), réduisant ainsi la quantité d'herbicides appliquée.

Mots clés : drone, images multispectrales, adventices

Peut-on concilier faible usage de pesticides, productivité et rentabilité?

Martin Lechenet^{1,2}, Fabrice Dessaint², Guillaume Py¹, David Makowski³ and Nicolas Munier-Jolain¹

¹Agrosolutions, 83 avenue de la Grande Armée, 75116 Paris, France

²INRA, UMR 1347 Agroécologie, BP 86510, F-21000 Dijon, France

³INRA, UMR 211 Agronomie, BP 1, F-78850 Thiverval Grignon, France

Achieving sustainable food production while feeding an increasing world population is one of the most ambitious challenges of this century. It will necessarily go through a drastic reduction of adverse effects arising from agricultural activities. In such an orientation, the reduction of pesticide use is a critical component to preserve environment and human health. The emergence of new production strategies based on a consistent combination of farming techniques for an improved pest control have shown that pesticide reliance could be reduced. It remains however a matter of debate whether substantial reductions of pesticide use are possible without impacting productivity and profitability. Here we demonstrated that less pesticide use does not equate to lower productivity and profitability. We analysed the potential conflicts between a lower pesticide use reduction and productivity or profitability with data from 946 arable demonstration farms showing contrasting levels of pesticide use and covering a wide range of production situations over the French national territory. We failed to detect any conflict between a low level of pesticide use and a high productivity and profitability on by 82% of farms from our sample. Based on this finding, we showed that 37% displayed a high progress margin for pesticide reduction while 45% displayed moderate progress margins, accessible pesticide reduction accounting respectively for -46% and -24%. The 18% remaining farms, for which profitability and/or productivity were conflicting with a low pesticide use, were linked to particular situations enabling the cultivation of high added value industrial crops, crops that used to be also high consumers of pesticides. Our results demonstrate that pesticide reduction is already accessible in most production situations, but they also suggest the necessity to integrate the contextual variability in the analysis of sustainability trade-offs.

Keywords : Système de culture, Situation de production, Réseau de fermes de démonstration, Pesticides

Effets de la nutrition et du génotype de la plante sur la résistance de *Medicago truncatula* à *Aphanomyces euteiches*

Thalineau Elise^{1,4}, Fournier C.^{2,4}, Wendehenne D.^{1,4}, Truong HN.^{2,4}, Jeandroz S.^{3,4}

¹Université de Bourgogne, UMR 1347 Agroécologie, BP 86510, F-21000 Dijon, France;

²INRA, UMR 1347 Agroécologie, BP 86510, F-21000 Dijon, France;

³AgroSup, UMR 1347 Agroécologie, BP 86510, F-21000 Dijon, France;

⁴ERL CNRS 6300, BP 86510, F-21000 Dijon, France

Dans la nature, les plantes ont la capacité de mettre en oeuvre des réponses immunitaires pour faire face aux microorganismes pathogènes. Cependant, ces réponses de défense sont coûteuses en énergie et conduisent la plante à détourner une partie de ces ressources destinées à d'autres traits de vie comme la croissance. Ce compromis défense/croissance est largement conditionné par la disponibilité extérieure en nutriments. Afin de mieux décrire et comprendre les liens entre la nutrition et la défense, nous avons analysé l'impact de la nutrition azotée et l'effet de la variabilité génétique végétale sur la capacité de la légumineuse *Medicago truncatula* à résister à un agent pathogène, l'oomycète racinaire, *Aphanomyces euteiches*. Deux conditions de nutrition azotée et dix génotypes de plantes ont été testés. Le degré de résistance de la plante est estimé selon différents paramètres macroscopiques et moléculaires, grâce à des analyses en composantes principales. Les premiers résultats ont montré des réponses contrastées selon le génotype et les conditions nutritives. L'azote joue donc un rôle important dans les réponses de défense chez *M. truncatula*. Pour tenter de comprendre les mécanismes impliqués dans ces réponses différentes, nous avons effectué des analyses d'expression de gènes et des analyses biochimiques plus poussées sur quatre génotypes contrastés. La quantification des acides aminés a montré un effet du pathogène, de la carence en azote et du génotype sur les niveaux de certains acides aminés. Une étude de molécules impliquées dans la signalisation et issues du métabolisme azoté, tel que le monoxyde d'azote (NO), a montré que la résistance de la plante était en partie contrôlée par l'homéostasie du NO.

Mots-clés: *Medicago truncatula*, *Aphanomyces euteiches*, génotype, nutrition, azote, réponses de défense des plantes.

Journée des Doctorants

**Résumé des
posters**

Quelles pistes génétiques pour l'optimisation de la photosynthèse du pois protéagineux dans le cadre du changement climatique actuel ?

Aurélie Poilevey, Judith Burstin

Equipe ECP, pôle GEAPSI, UMR Agroécologie, INRA Dijon

La culture du pois protéagineux représente un enjeu stratégique et environnemental majeur. Le principal frein à cette culture est l'évolution modérée du rendement, sous l'effet de différents stress amplifiés par le changement climatique. L'évolution vers des températures élevées et une nébulosité accrue peut limiter l'acquisition d'assimilats carbonés tout au long du cycle. Le maintien de l'efficacité photosynthétique pendant la phase de remobilisation d'azote, et dans des conditions de températures élevées, permettrait d'augmenter le remplissage des graines. L'objectif de la thèse est de tester différentes pistes d'amélioration du rendement via l'amélioration de l'efficacité photosynthétique des pois. Pour cela, à partir de la variabilité génétique de la morphologie foliaire du pois, des études seront menées sur l'efficacité d'absorption photosynthétique en microparcelle afin de déterminer l'efficacité d'interception du rayonnement due au port de la plante : une plante avec une meilleure efficacité aura une biomasse plus importante d'après le formalisme de Monteith. Des expériences en plateforme de phénotypage à haut débit seront effectuées afin d'estimer la surface foliaire et la biomasse produite. D'autre part, des études sur des mutations de gènes codant pour des protéines clés de la fixation du CO₂ dans la photosynthèse (Rubisco et Rubisco activase) seront réalisées à partir de marquage au ¹³C et d'analyses de la biomasse et de rendement.

Mots clés : Pois protéagineux – Changement climatique – Rendement – Remobilisation azote – Photosynthèse – Architecture foliaire - Rubisco

Investigation of interconnections between AgrA and σ^B regulons of *Listeria monocytogenes*

Catarina Marinho^{1,2,3}, Dominique Garmyn^{1,2}, Laurent Gal^{1,2}, Conor O'Byrne³, Pascal Piveteau^{1,2}

1- University of Burgundy; Dijon, France.

2- UMR 1347 Agroecology Unit, National Institute of Agricultural Research (INRA); Dijon, France.

3- Bacterial Stress Response Group; Department of Microbiology; School of Natural Sciences; National University of Ireland; Galway, Ireland.

Listeria monocytogenes is a pathogenic and ubiquitous bacterium, which is able to adapt and survive in several environments. It is one of the main causes of death associated with food contamination in the European Union, costing millions of euros annually in medical care. Environmental changes can trigger a change on the set of genes that are being expressed, allowing bacteria to adapt and survive different conditions. AgrA is the transcription regulator of the cell-cell communication Agr system, which is involved in a complex regulatory network mediating adaptation to environmental conditions including soil, biofilms and host infection. On the other hand, σ^B is a RNA polymerase factor involved in transcription by recognizing σ^B promoters' sequences, allowing the expression of a specific set of genes, for example in response to stress conditions. While σ^B down regulation of the *agr* operon has been reported in *Staphylococcus aureus*, this interconnection has only been suggested in *L. monocytogenes*.

The aim of this project is to have an inside view of AgrA and σ^B regulons crosstalk in *L. monocytogenes*.

Therefore, a collection of mutant and reporter strains will be constructed, the measurement of the regulators activities will be accessed by cellular fluorescence on both planktonic cells and biofilms, the mutants' phenotypes will be evaluated under specific environmental conditions, and the hypothetical role of sRNAs on the crosstalk will be studied.

With this study we hope to decipher the interconnection between AgrA and σ^B in the regulatory network of *L. monocytogenes*, accessing the hierarchy of the cell response under specific environmental conditions and understanding the cellular integration of biotic stimuli and harsh conditions.

Key-words: *Listeria monocytogenes*, cell-cell communication, stress response, environment, interconnection

Quantification des flux d'azote induits par les cultures de légumineuses et étude des traits explicatifs

Maé Guinet, Anne-Sophie Voisin (GEAPSI), Bernard Nicolardot (ECOLDUR)

Dans le contexte de la transition agroécologique en faveur de systèmes de culture plus économes en intrants azotés, la réintroduction des légumineuses a un rôle majeur à jouer. Peu de références sont actuellement disponibles sur les intérêts agronomiques et écologiques des différentes espèces, notamment à l'échelle de la rotation. Dans ce cadre, notre objectif général consiste à mieux quantifier les flux d'azote impliqués au cours et après culture de légumineuses, et ce pour une gamme élargie d'espèces. Notre travail expérimental portera donc sur la caractérisation des flux d'azote induits dans le sol et dans les cultures de légumineuses aux caractéristiques morphologiques contrastées en parallèle de la mesure des déterminants de ces flux. Les objectifs spécifiques consisteront à : i) quantifier la fixation symbiotique en fonction du niveau du stock d'azote minéral du sol, la minéralisation de l'azote des résidus de légumineuses après enfouissement et les pertes d'azote en dehors du système sol-plante (lixiviation, émission de protoxyde d'azote), ii) identifier les « traits de plantes » explicatifs des fonctions liées à ces flux d'azote. Pour atteindre ces objectifs, les différents flux d'azote ont été quantifiés au cours d'une expérimentation au champ avec implantation d'une culture de légumineuses en première année suivie par une culture de blé en année 2 qui a été menée en 2014-2015 et sera reconduite sur la campagne 2016-2017. En parallèle, les traits des plantes, notamment racinaires, seront caractérisés plus finement au cours d'expérimentations conduites en conditions contrôlées.

Mots clés : Légumineuses, fixation symbiotique, effet précédent, pertes d'azote, traits de plante.

Biostimulation of grapevine: mode of action and possible agronomic uses

KRZYZANIAK Yuko., TROUVELOT S.¹, HELOIR M.-C.¹, REIGNAULT P.², FOURQUEZ A.², MAGNIN-ROBERT M.², RANDOUX B.², SIAH A.³, HALAMA P.³, MOREAU E.⁴, ADRIAN M.¹, and members of IRIS+ consortium.

¹ UMR 1347 Agroécologie, Pôle Mécanismes et Gestion des Interactions Plantes – Microorganismes, Groupe résistance induite, 17 rue Sully, 21 000 Dijon, France
(yuko.krzyzaniak@dijon.inra.fr; marielle.adrian@u-bourgogne.fr)

² Unité de Chimie Environnementale et Interactions sur le Vivant (UCEIV-EA4492), Université du Littoral Côte d'Opale, Univ. Lille-Nord de France, GIS PhyNoPi, CS80699, F-62229 Calais cedex, France

³ Equipe Biotechnologie et Gestion des Agents Pathogènes en agriculture, Laboratoire Charles Viollette, GIS PhyNoPi, Institut Supérieur d'Agriculture, Univ. Lille Nord de France, 48 Bd Vauban, 59046 Lille cedex, France

⁴ Parc Technopolitain Atalante, CS41908 35435 Saint Malo cedex, France.

Although there is a growing interest for the use of biostimulants in agriculture, only few methods allowing a precise description of their effects on plants have been reported. In the IRIS+ FUI project, two major and highly different worldwide crops, wheat (annual, monocotyledon) and grapevine (perennial, broadleaf), were chosen to deepen our knowledge of such compounds and explore their potential additional interest. The first objective is to develop in greenhouse conditions, a panel of tools and methods to study the impact of a series of biostimulants on the development (aerial and root system biomass measurements and corresponding phenotyping), and the physiology (photosynthetic activity, primary and secondary metabolites) of both plants. The second objective is to check if biostimulants, via their effects on the plant physiology, could be associated to resistance inducer-based control strategies against fungal aerial diseases. Unlike fungicides which directly target pathogens, resistance inducers request plant metabolism dedicated to defense, a fitness-costly process. Hence, an improvement of both crops' physiological status by biostimulation is expected to increase its responsiveness to resistance inducer application.

Key words: Biostimulants, elicitors, grapevine, induced resistance, physiology

The xyloglucans : are they new elicitors of *Arabidopsis thaliana* immunity ?

Claverie Justine, Brulé Daphnée, Daire Xavier and Poinssot Benoit.

UMR Agroécologie 1347, INRA/Université de Bourgogne/Agrosup Dijon/CNRS, 17 rue Sully, BP 86510, 21000 Dijon, France

Damaged-Associated Molecular Patterns (DAMPs) are endogenous molecules released from the plant cell wall after wounding by pathogens. DAMPs are recognized by Pattern-Recognition Receptors (PRRs) that play a key role in plant immunity by mediating defense responses. The plant cell wall-derived oligogalacturonides (OG) are well characterized DAMPs that elicit plant immune responses such as MAPK activation, [Ca²⁺]_{cyt} variations, H₂O₂ production, defense-related gene expression and enhanced resistance against *Botrytis cinerea*. Our study focused on a new polysaccharide component of the plant cell wall called xyloglucans (Xh) and compared the immune events triggered by OG and Xh in *Arabidopsis thaliana*. Our results indicated that Xh can be considered as new elicitors as they induced MAPK activation, the expression of defense-related genes, callose deposition and triggered immunity against *Botrytis cinerea*. By using a genetic approach, our data indicated that the Xh-triggered immunity against *B. cinerea* requires the phytoalexin and jasmonic acid-dependent pathways.

Key words: Xyloglucans, Oligogalacturonides, DAMPs, Immunity, Signaling, *A. thaliana*.

Study of the chaperone protein CDC48 involvement in plant immunity

Hervé BEGUE, Cécile BLANCHARD, Claire ROSNOBLET and David WENDEHENNE

UMR 1347 Agroécologie INRA - Université de Bourgogne - AgroSup Dijon
Pôle Mécanisme et Gestion des Interactions Plantes-microorganismes-ERL CNRS 6300

CDC48 is a conserved chaperone protein belonging to the AAA+ ATPase family (ATPase associated with various activities). This protein uses binding and hydrolysis of ATP to generate forces to affect the transformation of polypeptide substrate in numerous cellular processes. Studies on mammalian CDC48 orthologue revealed that it recognizes ubiquitylated polypeptides, directly or *via* partners, leading to substrate degradation or recycling.

In plants, functions of CDC48 is less understood. The aim of my thesis, is to decipher the role of CDC48 in plant defense response context. First, I have to characterize NtCDC48 in tobacco (*Nicotiana tabacum*) suspension cells elicited by cryptogein, an elicitor produced by the oomycete *Phytophthora cryptogea*. Secondly, I have to confirm interactions with different partners previously established by the team, after that, I have to study involvement of those partners in plant immunity. As expected, those partners contribute in diverse cellular processes. Currently, I focus my attention on the interaction between NtCDC48 and the cytosolic ascorbate peroxidase (cAPX), a protein involved on the detoxification of reactive oxygen species.

Our first results indicate that CDC48 protein and mRNA accumulate during cryptogein treatment, highlighting that the chaperone protein is involved in immune response. Then, thanks to a cell line overexpressing our protein of interest, we propose that NtCDC48 might have a function in the elicitor-triggered cell death.

Key words: CDC48; Plant immunity; Interaction protein-protein; cAPX; Cryptogein

The role of sulfur nutrition in the pea response to water deficit

Charlotte Henri¹, Michel Zivy², Vanessa Vernoud¹, Karine Gallardo¹

¹INRA, UMR1347 Agroécologie, pôle GEAPSI, BP 86510, F-21000, Dijon, France.

²INRA, CNRS, PAPPSO, UMR 0320 / UMR 8120 Génétique Végétale Quantitative et Evolution, Le Moulon, F-91190, Gif sur Yvette, France.

Pea (*Pisum sativum* L.) produces seeds rich in proteins for human and animal nutrition and its cultivation enriches the soils in nitrogen, thus decreasing the need for nitrogen fertilization. Increasing pea cultivation and productivity is an agroecological challenge which requires to improve its tolerance to environmental stresses. Water deficit and the lack of sulfur in soils are two abiotic stresses that interact in the current context of climate change and low-input practices. Sulfur metabolites are known to play a protective role against many stresses but their interaction with the plant response to drought remains to be studied. A system biology approach will be used to study the influence of sulfur nutrition on gene and protein networks associated with the response of pea leaves to water stress during the reproductive phase. This approach will provide metabolic regulation models connecting sulfur nutrition to the water stress response. The integration of other data (e.g., physiological, yield components) will reveal regulatory factors potentially responsible for the physiological variations observed and/or for the modifications of agronomic traits under these environmental constraints. In addition to provide a better understanding of the role of sulfur in the plant's response to drought, the project will lead to the identification of gene and protein candidates for improving the tolerance of pea to climate change and low-input practices.

Key words: Pea, system biology, water stress, sulfur nutrition, gene network, protein network, remobilization, seed filling

Investigation of the adaptive strategies of *Listeria monocytogenes* in soil/plants mesocosms

Angela Ortiz Camargo – Pascal Piveteau

UMR Agroécologie, Pôle MERS

Listeria monocytogenes is a foodborne pathogen that affects primarily the vulnerable groups of the population (immune-compromised people, pregnant women, children, and elderly), with low incidence but high mortality. In the last few years, severe outbreaks caused by this bacteria have been associated with the consumption of fresh produce and dairy products. Due to this, soil and plants are considered the first stage of contamination before primary products are processed or transported to the final consumer. Therefore, it is important to understand how *L. monocytogenes* is able to survive and remain in soil and in association with plants. The present study will focus in elucidating the genetic and proteomic tools used by this bacterium for its prevalence in soil/plant. An analysis of the transcriptome of *L. monocytogenes* will be carried out in order to investigate the mechanisms of physiological adaptation of the bacteria in response to different circumstances in soil and the rhizosphere. In correlation with these results, a proteomic analysis will be carried out to compare protein expression and transcriptome changes during survival of *Listeria monocytogenes* in this environment. According to the results a limited number of genes will be selected for further analysis. Deletion mutants will be constructed and their phenotypes will be determined under a range of environmental conditions (soil, rhizosphere, biofilms, and mammalian host).

From an ecologic perspective, the consequences of perturbations (lack of oxygen, high and low temperature) of the soil habitat on *Listeria monocytogenes* population dynamics will be investigated and the shifts in the soil microbiota diversity will be followed by pyrosequencing. These data will give further insights on the correlation between diversity and the ability of organisms to invade habitats under a regimen of perturbations. Results will help to comprehend how this foodborne pathogen can remain in soil to later become a treat for consumers and farm animals' health.

Key words: *Listeria monocytogenes*, soil, plants, rhizosphere, transcriptomics, proteomics, survival mechanisms, population dynamics.

Importance of Mycorrhiza and Plant Growth Promoting Rhizobacteria on Crop Production (Quantity and Quality): the Tomato Case

Zerbib J.^{1,2}, Courty P.E.³, Roy S.⁴ and D. Wipf¹

¹UMR Agroécologie/INRA 1347/AgroSup/Université de Bourgogne, Pôle IPM- ERL6300 CNRS, 21065 Dijon, France

²Oriskany - 22, rue GM Lunsford Oliver, L2225 Luxembourg

³Université de Fribourg/Département de Biologie - Chemin du musée 10 - 1700 Fribourg, Suisse

⁴AGRONUTRITION Laboratoire de biotechnologies-436 rue Pierre et Marie CURIE-31670 Labège- France

Dans le sol, les racines des plantes sont en interaction avec de nombreux microorganismes bénéfiques. Les champignons mycorhiziens à arbuscules (CMA) colonisant plus de 80 % des plantes terrestres, peuvent fournir jusqu'à 90% de l'azote et du phosphore nécessaires à leur développement. Par ailleurs, des bactéries bénéfiques (*Pseudomonas fluorescens*) contribuent à un meilleur accès de la plante à certaines ressources du sol telles que le fer. Ces bactéries interagissent également avec les CMA. Ces deux symbioses mutualistes sont donc des déterminants importants pour la nutrition des plantes et pour la productivité des écosystèmes ; on peut les qualifier d'engrais biologiques. La raréfaction de certains éléments nutritifs du sol augmente l'importance de ces microorganismes bénéfiques à leur assimilation, en respectant l'environnement et en économisant les ressources. Dans ce contexte, l'objectif de notre travail de thèse est de travailler avec des plantes d'intérêts agronomiques en co-culture, des bactéries bénéfiques et des CMA, afin d'exploiter le phénomène biologique de « facilitation ». En effet, certaines plantes ("nurse plants") facilitent la croissance et le développement d'autres espèces de plantes ("target plants") en leur offrant des conditions plus favorables à leur développement. Les premiers exemples de "nurse plants" ont été décrits dans des environnements extrêmes tels que les déserts. En milieu aride, les "nurse plants" sont capables d'aller puiser de l'eau en profondeur pendant la journée et de la redistribuer aux plantes en surface. Ce mécanisme de redistribution d'eau mais aussi des minéraux, se fait par l'intermédiaire des CMA.

L'intérêt est de définir de nouveaux itinéraires de culture visant à favoriser les interactions bénéfiques entre plantes et microorganismes telluriques tout en réduisant les intrants chimiques de synthèse, et en allant vers une production végétale maintenue en termes de quantité et avec un impact sur la qualité des produits finaux.

Mots clés : champignon mycorhizien à arbuscule, PGPR, micro-Tom, CMN.

Impact de la mycorhization à arbuscule en viticulture : Cas du vignoble bordelais

Alice Drain^{1,*}, Diederik van Tuinen¹, Sophie Trouvelot², Laurent Bonneau², Sébastien Roy³, Marielle Adrian² et Daniel Wipf²

¹ INRA, UMR 1347 Agroécologie, 17 rue Sully, 21000 Dijon, France

² Univ. Bourgogne franche-Comté, UMR 1347 Agroécologie, 17 rue Sully, 21000 Dijon, France

³ AGRONUTRITION Laboratoire de biotechnologies, 436 rue Pierre et Marie Curie, 31670 LABEGE

* alice.drain@dijon.inra.fr

La France étant le premier pays producteur de vin au monde la filière viticole représente un enjeu économique majeur. Compte tenu de l'absence de solutions face à des fléaux tels que les maladies cryptogamiques, il apparaît important de revenir aux fondamentaux pour préserver la culture de la vigne. Ainsi, une meilleure prise en considération de la physiologie de la plante paraît inéluctable dans nos recherches. Il s'agit de revenir aux mécanismes de base pour comprendre les réactions de la plante face aux différents bio-agresseurs afin d'espérer pouvoir agir de façon naturelle pour l'aider à renforcer ses systèmes de défense. L'utilisation de micro-organismes qui agissent naturellement sur le fonctionnement de la plante en quantités infimes s'avère être une piste de travail intéressante. Les mycorhizes sont des symbioses bénéfiques qui s'instaurent entre les racines de plantes et certains champignons du sol. Elles concernent plus de 95% des plantes terrestres dont la plupart sont des plantes agricoles et horticoles. Développées par les plantes depuis plusieurs millions d'années, les associations mycorhiziennes donnent un meilleur accès aux éléments nutritifs du sol et aident les plantes à mieux résister aux stress environnementaux (sécheresse, salinité, attaque par des agents pathogènes...) de façon naturelle. Les champignons mycorhizogènes entrent en symbiose avec les cellules de la plante, ce qui modifie considérablement les relations de la racine avec le sol et augmente (grâce aux hyphes extra radiculaires du champignon) sa surface d'exploration : on estime que le volume de sol exploité par la plante est multiplié par 1000 grâce aux mycorhizes. Ce phénomène permet à la plante d'absorber de façon optimale les nutriments du sol (principalement phosphore, azote, et oligoéléments) et de l'eau. Il en résulte une amélioration de la qualité et du rendement des cultures. Les réponses des plantes à une association avec un champignon peuvent être modulées par la souche impliquée. La diversité des champignons mycorhizogènes en parcelle est très mal connue et peut être déterminante dans la compréhension du choix du partenaire et des services écosystémiques rendus.

Les premiers résultats sont en cours d'obtention et pourraient permettre, dans un premier temps, de corréler les différentes populations de champignons mycorhizogènes (par analyses moléculaires), aux taux de mycorhization (par analyses histochimiques, colorations) et/ou aux caractéristiques physico-chimiques de divers sols / pratiques culturales du vignoble bordelais. Dans un second temps l'efficacité des réactions de défense des vignes mycorhizées ou non seront analysées en réponse à un traitement par l'agent pathogène du mildiou.

Mots clé : Mycorhizes, Gloméromycètes, Vignobles bordelais, Diversité, Défense.

Identification et caractérisation de candidats d'origine naturelle à action herbicide pour contrôler les adventices

Marion Triolet^{1,2}, Christian Steinberg¹, Jean-Philippe Guillemain², Stéphane Cordeau¹

¹ INRA, UMR1347 Agroécologie, BP 86510, F-21065 Dijon, France

² AgroSup, UMR1347 Agroécologie, BP 87999, F-21079 Dijon, France

Les produits phytopharmaceutiques (ou pesticides) utilisés aujourd'hui en agriculture sont pointés du doigt pour leurs impacts potentiels sur l'environnement et les écosystèmes et pour les risques qu'ils sont susceptibles d'engendrer pour la santé animale et humaine (Inserm, 2013).

Les objectifs majeurs de la thèse sont d'isoler et identifier des microorganismes pathogènes des adventices, et d'acquérir des connaissances sur les mécanismes de l'interaction plante adventice-microorganismes dans le cadre du développement de bioherbicides pour contrôler les adventices. Outre une analyse bibliographique sur l'état des connaissances relatif aux interactions adventices-microorganismes, le travail de thèse sera structuré selon 2 axes:

- Identification de microorganismes à action herbicide. Après prospection et collecte d'adventices symptomatiques, la diversité des microorganismes endophytes sera évaluée par une approche moléculaire. En parallèle, des microorganismes associés aux symptômes seront isolés, purifiés, identifiés et testés pour leur aptitude à provoquer des symptômes sur l'hôte d'isolement pour vérifier les Postulats de Koch. La virulence des microorganismes pathogènes identifiés sera testée sur un panel d'adventices et de cultures afin de caractériser le spectre d'hôtes et la sélectivité de ces isolats.

- Caractérisation du mode d'action conduisant à la mort de l'adventice. Une approche de transcriptomique (type RNAseq) sera réalisée à partir de l'ARNr microbien extrait de l'interaction microorganisme-plante puis amplifié et séquencé afin d'identifier les métabolites pour lesquels codent les gènes exprimés.

Le sujet de thèse repose sur la collaboration entre l'UMR Agroécologie et la société De Sangosse.

Mots-Clés : bioherbicides ; mycoherbicides ; microorganismes ; substances naturelles, interactions adventices-microorganismes, modes d'action, adventices, diversité, microorganismes endophytes