

1 **Avertissement**

2 *L'auteur, décédé récemment, avait établi le texte qui suit dans le contexte des réflexions du Groupe de travail*
3 *« Agriculture Biologique » de l'Académie d'agriculture de France. Il a semblé nécessaire et sans doute utile de le*
4 *placer dans la rubrique « Articles » du site académique qui rassemble des écrits « n'engageant que leurs*
5 *auteurs ». La version ci-dessous, aboutie au 30 août 2022, est présentée strictement dans l'état où elle se trouvait.*
6 *Seules des coquilles manifestes ainsi que des répétitions de termes ont été modifiées ou retirées.*

7 **En conséquence, ce n'est pas un écrit « final », proposé à l'issue d'échanges scientifiques, comme il se doit**
8 **impérativement en la matière, mais une contribution inachevée apportée sur ce thème.**

9 Ses amis

10
11 **Les données omiques permettent de distinguer les produits de l'agriculture**
12 **biologique et de l'agriculture conventionnelle et révèlent l'amorçage d'une**
13 **mémoire de stress chez les plantes cultivées biologiquement.**

14
15 Dominique Job, DREM CNRS, membre de l'Académie d'agriculture de France

16 Laboratoire de Microbiologie, Adaptation et Pathogénie

17 UMR 5240 CNRS / Université Claude Bernard Lyon 1 / INSA / Bayer CropScience Lyon, France

18
19 **Préambule**

20 *Cette analyse n'engage ni l'organisme de rattachement de l'auteur, le CNRS, ni l'Académie d'agriculture de*
21 *France, dont il est membre.*

22
23 **Résumé**

24 Le cahier des charges de l'agriculture biologique impose aux agriculteurs de ne pas utiliser d'intrants de synthèse
25 (e.g., engrais, pesticides). La présente Note vise à analyser de manière scientifique et objective l'impact de ces
26 pratiques sur l'expression des gènes et l'accumulation des produits des gènes (transcrits, protéines, métabolites)
27 des plantes cultivées biologiquement. Dans ce but, les données omiques à haut débit d'expression des génomes
28 (génomique, métagénomique, pangénomique, épigénomique, transcriptomique, protéomique, métabolomique,
29 phénomique) publiées à ce jour ont été exploitées. Ces données omiques permettent de dégager deux grands
30 enseignements. Le premier est qu'elles permettent de distinguer sans ambiguïté les plantes cultivées
31 biologiquement et de manière conventionnelle. Le deuxième est que les plantes cultivées biologiquement sont
32 confrontées à un stress nutritionnel, lié à une limitation dans la fertilisation en engrais, ce qui enclencherait
33 l'amorçage d'une réponse de stress générale, *via* l'activation des mécanismes de défense des plantes,
34 permettant l'établissement d'une mémoire de stress (*stress priming memory*) et la survie des plantes dans des
35 conditions environnementales sévères, notamment résultant de l'absence d'utilisation des molécules de
36 synthèse largement utilisées en agriculture conventionnelle pour la protection des cultures. Cette proposition
37 est étayée par des travaux montrant que la limitation de la fertilisation s'accompagne chez les plantes de
38 modifications épigénétiques (remodelage de la chromatine) qui pourraient expliquer l'établissement d'une telle
39 mémoire de stress chez les plantes cultivées biologiquement.

40
41 **Abstract**

42 The organic agriculture specifications require farmers not to use synthetic inputs (e.g., fertilizers, pesticides). This
43 Note aims to scientifically and objectively analyze the impact of these practices on gene expression and
44 accumulation of gene products (transcripts, proteins, metabolites) of organically grown plants. To this end, high-
45 throughput omics data on genome expression (genomics, metagenomics, genome-wide, epigenomics,
46 transcriptomics, proteomics, metabolomics, phenomics) published to date have been exploited. These omics
47 data allow us to identify two main lessons. The first is that they allow to distinguish unambiguously between
48 organically and conventionally grown plants. The second is that organically grown plants are confronted with a
49 nutritional stress, linked to a limitation in fertilization, which would trigger the initiation of a general stress
50 response, via the activation of plant defense mechanisms, allowing the establishment of a stress memory (*stress*
51 *priming memory*) and the survival of plants under severe environmental conditions, notably resulting from the
52 absence of the use of synthetic molecules widely used in conventional agriculture for crop protection. This
53 proposal is supported by work showing that the limitation of fertilization is accompanied in plants by epigenetic
54 modifications (chromatin remodeling) that could explain the establishment of such a stress memory in
55 organically grown plants.

56

57 **Mots clés** : agriculture biologique, omiques, stress azoté, mémoire de stress

58 **Keywords**: organic agriculture, omics, nitrogen stress, stress memory.

59

60 1. Introduction

61

62 L'agriculture est aujourd'hui confrontée à de nombreux défis, environnementaux (climat, pollutions des nappes
63 phréatiques par les engrais et pesticides de synthèse), sanitaires (risques professionnels dûs à la
64 manipulation / usage des pesticides), sociétaux (demande pour des produits locaux...). Ceci a encouragé le
65 développement de nombreuses pratiques agricoles (agricultures traditionnelles, agriculture raisonnée,
66 régénérative, de conservation des sols, de proximité, biologique, certifiée haute valeur environnementale,
67 agroécologie...). Une question importante est de connaître l'impact de ces pratiques, pas toujours encadrées par
68 un cahier des charges, sur la qualité des produits de l'agriculture. Plus précisément, la question est d'objectiver
69 rigoureusement / garantir et de faire percevoir par les citoyens-consommateurs et la classe politique la
70 spécificité (caractéristiques particulières / différences) des produits de l'agriculture biologique et
71 éventuellement d'autres produits alimentaires issus d'autres pratiques raisonnées, agroécologiques.

72 Entre 1990 et 2015, l'utilisation des pesticides dans le monde a augmenté de 73 % sachant que les résidus de
73 pesticides dans le sol, dans l'eau et dans les aliments peuvent être nocifs pour la santé humaine, les écosystèmes
74 terrestres et aquatiques, et causer une perte de biodiversité (Van der Werf *et al.*, 2020).

75 L'agriculture biologique interdit l'utilisation des intrants dits de synthèse (*e.g.*, pesticides, engrais), c'est-à-dire
76 fabriqués par l'industrie agrochimique ou par des approches biotechnologiques. L'innovation des stratégies de
77 séquençage de nouvelle génération (NGS) a jeté les bases pour dévoiler le potentiel génétique des plantes et
78 aider à comprendre le processus de domestication (et de re-domestication) pour notamment démasquer le
79 potentiel génétique des plantes de type sauvage et l'utiliser pour améliorer les cultures (*rewilding*) (Fernie & Yan,
80 2019 ; Isaac *et al.*, 2021 ; Hanak *et al.*, 2022). Ces innovations ont conduit au développement florissant des
81 technologies d'expression de gènes, notamment les approches omiques qui pourraient permettre de répondre
82 à la question de la certification des produits, notamment pour les consommateurs. Nous espérons que d'autres
83 actions de ce groupe de travail, le Groupe de Travail Agriculture Biologique de l'Académie d'agriculture de France,
84 permettront d'étayer plus encore la nécessité d'une telle certification (cf. [https://www.academie-
85 agriculture.fr/academie/groupe-de-travail/agriculture-biologique](https://www.academie-agriculture.fr/academie/groupe-de-travail/agriculture-biologique)).

86 Les approches omiques associent des technologies de chimie analytique, de biochimie et de biologie moléculaire
87 aux sciences des données afin de mieux comprendre le fonctionnement des systèmes biologiques. Le suffixe -
88 ome est utilisé pour désigner les objets d'étude de ces domaines, tels que le génome, le protéome ou le
89 métabolome (Figure 1). « -ome » tel qu'il est utilisé en biologie moléculaire fait référence à une sorte de « totalité
90 » (« globalité »), le génome des plantes pouvant contenir 25 000 à 40 000 gènes, une cellule végétale pouvant
91 accumuler plusieurs dizaines de milliers d'ARN, de protéines et de métabolites. Les omiques sont ainsi des
92 approches globales, à haut débit (c'est-à-dire permettant, en une seule expérience, de caractériser des milliers,
93 voire bien plus, de molécules différentes afin de comprendre un phénomène complexe multifactoriel), conduites
94 sans *a priori* (« sans *a priori* » signifie dans ce contexte la mise en place d'approches expérimentales non ciblées,
95 ne recherchant pas à caractériser un transcrit, une protéine ou un métabolite précis, mais au contraire le plus
96 large ensemble de ces molécules).

97 Les données omiques peuvent être générées à plusieurs niveaux, y compris, mais sans s'y limiter, le **génom**
98 (ensemble du matériel génétique d'une espèce codé dans son acide désoxyribonucléique, à l'exception de
99 certains virus dont le génome est constitué d'acide ribonucléique), l'**épigénom** (ensemble des modifications
100 épigénétiques d'une cellule), le **transcriptome** (ensemble des ARN présents dans une cellule à un instant donné),
101 l'**épitranscriptome** (ensemble des modifications chimiques appelées marques épigénétiques), le **protéome**
102 (ensemble des protéines exprimées dans une cellule, une partie d'une cellule ou un groupe de cellules dans des
103 conditions données et à un moment donné), le **métabolome** (ensemble des métabolites — des petites molécules
104 telles que les intermédiaires métaboliques, les hormones et autres molécules signal, ainsi que les métabolites
105 secondaires — qui peuvent être trouvés dans un échantillon biologique) et le **phénom** (ensemble des
106 phénotypes observés chez un organisme vivant) (Li & Yan, 2020) (Figure 1). D'autres approches omiques existent,
107 par exemple la lipidomique (caractérisation globale des lipides dans une cellule ou un organisme) ou
108 l'interactomique (interactions protéines-protéines, protéines-acides nucléiques, protéines-métabolites),... Ces
109 dernières ne seront pas considérées dans le cadre de la présente Note. Les données omiques sont également
110 générées dans différentes conditions environnementales. L'exploitation des ressources génétiques à l'aide de
111 stratégies génomiques et métabolomiques peut aider à générer des plantes résistantes aux facteurs de stress
112 biotiques et abiotiques (Ashraf *et al.*, 2022).

113 Une autre question importante dans le cadre de ce groupe de travail de l'Académie est de comprendre les
114 mécanismes d'adaptation des plantes cultivées en conditions biologiques, sachant que les agriculteurs
115 respectant le cahier des charges de l'agriculture biologique n'utilisent ni intrants de synthèse (*e.g.*, engrais) ni
116 molécules de synthèse pour la protection des cultures (*e.g.*, pesticides), ce qui peut placer de telles cultures en

117 conditions de stress. À noter cependant que la chimie, qui a certes permis d'atteindre des rendements
118 exceptionnels, a épuisé les sols et pollué les nappes dans un contexte où le changement climatique va rendre
119 encore plus incertain le travail des agriculteurs. L'objet de cette Note est ainsi d'analyser les articles scientifiques
120 récents sur ces questions.

121 Des méta-analyses récentes indiquent qu'il est possible de réduire notablement les engrais chimiques de
122 synthèse sans (trop) affecter le rendement des cultures (Billen *et al.*, 2021 ; MacLaren *et al.*, 2022). MacLaren *et*
123 *al.* (2022) mettent en évidence qu'il existe des alternatives à l'agriculture basée sur les intrants de synthèse,
124 telles que l'ajout de compost, de fumier ou de résidus végétaux dans les sols, la mise en culture d'une diversité
125 de plantes à un même endroit plutôt que d'une seule, ou encore, l'emploi de légumineuses (lentilles, haricots,
126 pois et trèfle), une famille de végétaux qui fixe naturellement l'azote atmosphérique et enrichit le sol. Ces
127 méthodes ont pour point commun d'être basées sur les services écosystémiques (services offerts par la nature),
128 raison pour laquelle les chercheurs les regroupent sous l'expression "intensification écologique". Parue dans la
129 revue *Nature Sustainability*, cette synthèse rassemble les résultats d'une trentaine d'expériences menées au
130 long-terme (sur neuf années ou plus) en Europe et en Afrique, soit plus de 25 000 données de rendement
131 obtenues dans différentes conditions : avec ou sans engrais chimique, et utilisant une ou plusieurs méthodes
132 d'intensification écologique.

133 Il convient également de noter les travaux récents d'INRAE à Dijon. Selon ces chercheurs, « *une agriculture zéro*
134 *pesticide, c'est possible* ». L'idée est de "concevoir des systèmes agricoles sans pesticides, en utilisant la
135 biodiversité comme moyen de production" et en associant des agriculteurs. Les travaux sont menés au sein d'une
136 plateforme expérimentale, baptisée CA-SYS (acronyme en anglais de '*co-designed agroecological system*
137 *experiment*') qui explore sur 50 parcelles des systèmes d'agroécologie se voulant "performants au niveau
138 environnemental" et "rentables économiquement à moyen terme" (GEO, 2022). Cette plateforme n'utilise ni
139 pesticides chimiques ni pesticides organiques. Une partie notable (10 %) de sa surface agricole utile est couverte
140 de bandes fleuries et enherbées, qui ne produisent pas de graines mais rendent "des services
141 écosystémiques" : restituer au sol de sa qualité et favoriser la biodiversité. Le désherbage est mécanique, les
142 apports en engrais azotés limités (INRA, 2018).

143 Dans ce cadre, Barbieri *et al.* (2021) ont développé un modèle simulant, à l'échelle mondiale, l'offre et la
144 demande en azote des cultures dans des scénarii excluant l'usage d'engrais azotés de synthèse. Leurs résultats
145 montrent que le déploiement mondial de l'agriculture biologique peut certes être limité par la disponibilité en
146 azote, mais ils montrent également que, pour être soutenable, ce déploiement doit s'accompagner d'une
147 transformation des systèmes d'élevage, d'un rééquilibrage de l'alimentation humaine et d'une baisse importante
148 du gaspillage alimentaire. En agissant sur ces points, il serait ainsi possible d'augmenter la part de l'agriculture
149 biologique mondiale jusqu'à 60 % au moins, tout en répondant à la demande alimentaire mondiale. Malgré la
150 pertinence et l'intérêt de telles modélisations, les conclusions de Barbieri *et al.* (2021) soulèvent la question de
151 savoir si de tels objectifs sont atteignables dans le contexte sociétal et économique actuel.

152 En Europe, la part des surfaces agricoles cultivées en agriculture biologique est actuellement de 8,1 % de la
153 surface agricole utile européenne. En France, elle est de 10,3 % (L'Agence Bio, 2022). Les ministres européens de
154 l'Agriculture ont donné leur feu vert à un « plan d'action » visant à consacrer au moins 25 % des terres agricoles
155 de l'Union européenne à l'agriculture biologique d'ici à 2030. Aujourd'hui, un métaprogramme de recherche,
156 associant toutes les disciplines et tous les départements d'INRAE, est en cours. Nommé METABIO (INRAE, 2021a),
157 ce programme explore l'hypothèse où l'offre nationale de produits bio deviendrait majoritaire (INRAEa, 2022).

158 Par ailleurs, le projet européen BRESOV (*Breeding for Resilient, Efficient and Sustainable Organic Vegetable*
159 *production* ; BRESOV, 2022) vise à explorer la diversité génétique de quatre des cultures maraîchères les plus
160 importantes d'un point de vue économique (brocoli, chou-rave, haricot commun et tomate) et à améliorer la
161 compétitivité de ces cultures dans un environnement biologique et durable. En exploitant les connaissances
162 génomiques actuelles, l'objectif global du consortium est d'augmenter la tolérance des plantes aux stress
163 biotiques et abiotiques et d'adapter les variétés aux exigences spécifiques des processus de production
164 biologique et à faibles intrants.

165 L'amélioration de la valeur nutritionnelle des aliments est également la clé de l'éradication des problèmes de
166 malnutrition et de famine dans le monde, notamment face à l'explosion démographique, ce qui pourrait être
167 atteint en utilisant les connaissances acquises par les approches omiques (Susana *et al.*, 2013).

168 Actuellement, il est possible de générer des données omiques pour n'importe quelle espèce à un coût
169 raisonnable. L'une des applications des données omiques est l'identification des gènes fonctionnels qui sont
170 pertinents pour l'agriculture durable. Ces gènes peuvent ensuite être manipulés grâce, par exemple, aux
171 biotechnologies et à la modification ciblée des gènes (édition du génome), pour développer de nouvelles variétés
172 et cultures pour l'agriculture durable, notamment pour l'agriculture biologique (Anderson *et al.*, 2015 ;
173 Purnhagen *et al.*, 2021 ; Anyshchenko, 2022 ; Jordan *et al.*, 2022). De nombreux exemples illustrent l'intérêt de

174 l'utilisation de l'édition du génome en tant qu'outil puissant pour améliorer la nutrition des plantes, renforcer la
175 résistance aux maladies des plantes, produire des plantes tolérantes à la sécheresse et au sel et renforcer la
176 résistance aux maladies (Arora & Narula, 2017 ; Le Déaut & Procaccia, 2017 ; Ricroch *et al.*, 2018 ; Karavolias *et*
177 *al.*, 2021).

178 Dans la démarche utilisée lors de la présente analyse, nous avons effectué une recherche bibliographique
179 systématique dans la base de données ISI Web of Science (le Web of Science est la principale base de données
180 bibliographiques utilisées par les organismes de recherche, les universités et les départements R&D des
181 entreprises. Seuls les articles publiés dans des revues à comité de lecture et possédant un facteur d'impact sont
182 ici considérés) en associant l'un des mots clés suivants : *genomics*, *transcriptomics*, *epigenomics*, *proteomics*,
183 *metabolomics* ou *phenomics* et les mots clés *organic farming* ou *sustainable agriculture*. Les principaux résultats
184 décrits dans ces publications sont présentés ci-dessous.

185

186 **2. Analyse des données omiques**

187

188 **2.1 Données de métagénomique comparative pour la caractérisation de microorganismes telluriques en** 189 **agricultures biologique et conventionnelle**

190

191 Khoiri *et al.* (2021) ont conduit une étude afin d'examiner les effets de la gestion agricole biologique *versus*
192 conventionnelle, sur la structure et la fonction de la communauté microbienne de la phyllosphère (partie
193 aérienne des plantes, principalement constituée des feuilles) de la canne à sucre (*Saccharum officinarum*), en
194 utilisant l'approche métagénomique *shotgun* (globale). Cette approche consiste à caractériser l'ensemble des
195 gènes contenus dans un biotope donné, toutes espèces mélangées. Elle permet en particulier d'avoir un aperçu
196 global de la composition du microbiome (bactéries, virus, champignons...) ainsi que son potentiel fonctionnel,
197 par l'identification des gènes représentés ; voir Nesme *et al.* (2016). L'analyse comparative des métagénomiques a
198 montré que les pratiques agricoles influencent fortement les diversités taxonomiques et fonctionnelles, ainsi que
199 les interactions de concurrence des microbes de la phyllosphère. Un réseau microbien complexe avec une grande
200 connectivité a été observé dans le cas de l'agriculture biologique, indiquant de fortes capacités de résilience de
201 cette communauté microbienne pour faire face aux facteurs de stress environnementaux. L'agriculture
202 biologique abrite également le genre *Streptomyces* comme espèce clé potentielle et des bactéries favorisant la
203 croissance des plantes, notamment *Mesorhizobium loti*, *Bradyrhizobium* sp. SG09, *Lactobacillus plantarum* et
204 *Bacillus cellulosilyticus*. Il est intéressant de noter que de nombreuses espèces dégradant les composés toxiques
205 sont spécifiquement enrichies dans l'agriculture biologique, ce qui pourrait suggérer leur rôle essentiel dans la
206 conversion de l'agriculture conventionnelle en agriculture biologique. De plus, la pratique conventionnelle a
207 diminué l'abondance des gènes liés à la motilité cellulaire et au métabolisme énergétique des microbes de la
208 phyllosphère, ce qui pourrait contribuer négativement à une plus faible diversité microbienne dans cet habitat.
209 Dans l'ensemble, ces résultats ont démontré la réponse du microbiote de la phyllosphère associée à la canne à
210 sucre à des gestions agricoles spécifiques (Khoiri *et al.*, 2021). Ils complètent les nombreuses études sur
211 l'impact du microbiote tellurique au niveau de la rhizosphère (racines) des plantes (INRAE, 2021**b** ; LRSV, 2022).

212

213 **2.2 Études d'association pangénomique sur tomates biologiques**

214

215 Le pangéome décrit la gamme complète de gènes dans une espèce. Les grands panels de variétés de tomates
216 représentent une ressource précieuse de traits d'intérêt pour les systèmes de culture durables et pour les études
217 d'association pangénomique (*genome-wide association studies*, GWAS ; c'est-à-dire l'analyse des nombreuses
218 variations génétiques chez de nombreux individus afin d'étudier leurs corrélations avec des traits
219 phénotypiques). De telles études se concentrent généralement sur les associations entre les polymorphismes
220 nucléotidiques (SNP) des séquences génomiques et des phénotypes tels que les maladies humaines majeures ;
221 pour les plantes, voir Gali *et al.* (2019), Bineau *et al.* (2021) et Tibbs Cortes *et al.* (2021).

222 Pour cartographier les loci contrôlant la variation des caractères agronomiques, de la qualité des fruits et de
223 l'architecture racinaire, Tripodi *et al.* (2021) ont utilisé un ensemble hétérogène de 244 accessions de tomates
224 (*Solanum lycopersicum* L.) traditionnelles et améliorées, cultivées dans le cadre d'essais biologiques en plein
225 champ. Les auteurs rapportent ici un phénotypage complet et une GWAS utilisant plus de 37 300 SNP. Un large
226 éventail de diversité phénotypique a été observé dans la collection étudiée, avec des différences hautement
227 significatives pour la plupart des traits. La GWAS a ainsi permis d'identifier de nouveaux gènes liés aux
228 caractéristiques des fleurs et des fruits. En outre, d'autres gènes candidats pour la teneur en solides solubles, la
229 couleur et la forme des fruits ont été trouvés près de régions chromosomiques précédemment signalées, ce qui
230 indique la présence de gènes synergiques et de gènes liés multiples qui sous-tendent la variation de ces

231 caractéristiques. Ces résultats ouvrent la perspective de nouvelles approches par validation fonctionnelle,
232 notamment pour obtenir de nouveaux cultivars adaptés à la culture biologique.
233 Par ailleurs, dans une étude récente Tripodi *et al.* (2022a) ont évalué 42 génotypes de tomates pour 32 traits
234 morpho-physiologiques et agronomiques liés aux caractéristiques des plantes, des fruits et des racines sous des
235 traitements standard (contrôle) et sous une fertilisation sans azote ou un déficit hydrique (30 % de la quantité
236 donnée aux essais non stressés) dans deux sites (environnements), qui correspondent à des fermes biologiques
237 situées en Italie et en Espagne. La réduction de l'apport en eau a augmenté de manière significative la teneur en
238 solides solubles dans les deux sites, tandis que le stress azoté et hydrique a entraîné une diminution générale du
239 poids des fruits et du rendement total. Malgré cela, plusieurs accessions ont montré de meilleures performances
240 que le contrôle lorsqu'elles étaient cultivées sous stress. Parmi les accessions évaluées, les hybrides se sont
241 avérés prometteurs en termes de rendement, alors que dans l'ensemble, les variétés locales et les variétés
242 héritées ont présenté une meilleure qualité. Cela suggère la possibilité d'exploiter à la fois la variation au sein
243 des variétés anciennes et l'hétérosis pour le rendement des hybrides, afin de sélectionner et de cultiver de
244 nouvelles variétés mieux adaptées aux conditions de l'agriculture biologique, tant dans des conditions optimales
245 que suboptimales. Les résultats éclairent les stratégies de développement de nouvelles variétés pour l'agriculture
246 biologique, en donnant des indications sur la gestion des intrants à adopter pour une culture plus durable de la
247 tomate. Concernant l'impact d'une diminution de fertilisation azotée, les résultats de Tripodi *et al.* (2022a) sont
248 en très bon accord avec ceux obtenus par Rosa-Martinez *et al.* (2021) montrant qu'une réduction à un tiers de
249 l'apport habituel d'azote n'entraîne pas d'effet significatif sur le rendement et la plupart des caractères évalués
250 liés à la qualité nutritionnelle et organoleptique des fruits de tomate, à l'exception d'une diminution des sucres
251 solubles. Dans cette étude, plusieurs variétés de tomate ont montré d'excellents résultats dans des conditions
252 de faible apport d'azote, se situant parmi les dix meilleures variétés en rendement, avec de bons paramètres de
253 qualité des fruits.

254

255 **2.3 Données de transcriptomique**

256

257 L'analyse transcriptomique repose sur la quantification systématique des ARN messagers exprimés, ce qui
258 permet d'avoir une indication relative du taux de transcription de différents gènes dans des conditions données.
259 Plusieurs techniques permettent d'avoir accès à cette information, en particulier celle des puces à ADN (micro-
260 réseaux), celle de la PCR quantitative [RT-qPCR, technique permettant de faire une PCR (réaction en chaîne par
261 polymérase) quantitative à partir d'un échantillon d'ARN], ou encore celle du séquençage de l'ARN (*RNA-Seq*, de
262 l'anglais *RNA sequencing*), également appelé séquençage aléatoire du transcriptome entier (*whole transcriptome*
263 *shotgun sequencing* en anglais), ce qui permet d'avoir une indication relative du taux de transcription de
264 différents gènes dans des conditions données.

265 Une analyse phytochimique et transcriptomique a été réalisée par Sharpe *et al.* (2020) sur des fruits matures et
266 des tissus foliaires dérivés de la tomate cultivée dans des conditions de fertilisation biologique et conventionnelle
267 afin d'évaluer les hypothèses suivantes.

- 268 a) La gestion des engrais organiques du sol entraîne une plus grande allocation des ressources
269 photosynthétiques à la synthèse des métabolites secondaires qu'à la croissance des plantes,
- 270 b) Les gènes impliqués dans les changements de l'accumulation des phytonutriments sous le régime de
271 l'engrais organique présenteront une expression différentielle, et la croissance sous différents
272 traitements d'engrais suscitera une réponse différentielle du génome de la tomate.

273 Ces deux hypothèses ont été confirmées, suggérant un ajustement de l'activité métabolique et génomique de la
274 plante en réponse aux différents engrais. Le traitement par engrais organique a montré une activation des
275 processus photo-inhibiteurs par l'activation différentielle des gènes de transport et d'assimilation de l'azote, ce
276 qui a entraîné une plus grande accumulation de phytonutriments. Parmi les gènes différentiellement exprimés
277 dans les deux types de culture, ceux codant de nombreuses enzymes impliquées dans la réponse des plantes
278 contre les stress oxydatifs ont été identifiés, intervenant par exemple dans la synthèse du lycopène (l'un des
279 caroténoïdes les plus puissants pour l'élimination intracellulaire des radicaux libres), de l'acide ascorbique
280 (vitamine C, un puissant antioxydant qui protège les cellules contre le stress oxydatif), et dans la réponse au
281 stress photosynthétique permettant l'élimination des dérivés toxiques de l'oxygène (Sharpe *et al.*, 2020).

282 Tenea *et al.* (2012) ont réalisé un profilage transcriptomique comparatif sur les feuilles de blé d'hiver (*Triticum*
283 *aestivum*) obtenues de plusieurs cultivars cultivés en plein champ dans différents systèmes de production
284 agricole. Cette étude a permis d'identifier dix transcrits différentiellement exprimés dans des conditions de
285 culture biologique et conventionnelle. Les profils d'abondance des transcrits correspondant aux sondes
286 sélectionnées ont été confirmés de manière indépendante par une analyse quantitative par RT-qPCR, technique
287 permettant de faire une PCR (réaction en chaîne par polymérase) quantitative à partir d'un échantillon d'ARN.

288 L'analyse statistique univariée et multivariée a montré que le transcriptome global du blé est influencé par le
289 système agricole. Les gènes différentiellement exprimés appartiennent au métabolisme de défense, au
290 métabolisme des flavonols, aux protéines régulées par la lumière et aux protéines de stockage (Tenea *et al.*,
291 2012).

292 Dans une étude transcriptomique menée par van Dijk *et al.* (2012), le génotype de pomme de terre (*Solanum*
293 *tuberosum*) Santé a été cultivé avec engrais biologique et conventionnel. Les données des micro-réseaux ont été
294 analysées à l'aide de différents outils statistiques. Plusieurs processus biologiques ont été impliqués à la suite
295 des différents traitements des plantes. Les plus évidents sont la voie de la lipoxigénase (une enzyme impliquée
296 dans la réponse des plantes au traumatisme externe et au stress) et la voie du stress biotique dont l'expression
297 est plus élevée dans le cas des engrais biologiques.

298 Pacifico *et al.* (2017) ont observé que des changements transcriptomiques se produisent dans les tubercules de
299 pomme de terre en réponse à la gestion biologique de la culture. Dans cette étude, le processus biologique le
300 plus affecté par le système de culture est "relation au stress". En particulier, les tubercules gérés par des
301 pratiques biologiques accumulent plus de composés liés à la défense que les tubercules produits de manière
302 conventionnelle (par exemple, les phénylpropanoïdes, l'acide ascorbique). Une influence du système de culture
303 sur les gènes impliqués dans le métabolisme des glycoalcoïdes a également été observée. Les glycoalcoïdes
304 sont naturellement présents dans de nombreuses plantes de la famille des Solanacées (pommes de terre,
305 aubergines, tomates) et contribuent à leur résistance aux parasites et aux agents pathogènes. L'EFSA (Autorité
306 européenne de sécurité des aliments) a récemment publié une évaluation des risques pour la santé humaine et
307 animale liés à la présence de glycoalcoïdes dans les pommes de terre et les produits dérivés (EFSA, 2020). Chez
308 les adultes, il y aurait un problème de santé pour les gros consommateurs (Parent-Massin *et al.*, 2021).

309 Dans l'étude de Pacifico *et al.* (2017), le gène codant la GABA (acide gamma-aminobutyrique) transaminase a été
310 identifié comme l'un des plus régulés dans les tubercules conventionnels en comparaison des tubercules
311 biologiques. La variation la plus évidente de la réponse au régime de culture, consistant en une accumulation de
312 GABA dans les tubercules biologiques, est probablement corrélée à la diminution de l'expression du gène de la
313 GABA transaminase dans ce système de gestion des cultures. Par conséquent, Pacifico *et al.* (2017) proposent
314 que la GABA transaminase soit considérée comme marqueur putatif pour les systèmes de culture. Cette enzyme
315 intervient notamment dans le contrôle du stress hydrique (Hassan *et al.*, 2019) et du stress salin (Wu *et al.*, 2020)
316 chez les plantes.

317 Dans une étude intitulée « *Organic Farming Sharpens Plant Defenses in the Field* ; L'agriculture biologique aiguise
318 les défenses des plantes dans les champs » Krey *et al.* (2020) ont conduit une analyse transcriptomique afin
319 d'évaluer l'expression des gènes dans les feuilles de deux variétés de pommes de terre, cultivées dans des fermes
320 biologiques par rapport à des fermes conventionnelles. Pour une variété, la variété *Norkotah*, les auteurs
321 constatent une expression significativement plus élevée des gènes associés aux voies de défense des plantes
322 dans les plantes cultivées dans des champs biologiques par rapport aux champs conventionnels, notamment
323 dans la voie de signalisation de l'éthylène, une phytohormone qui module de nombreux métabolismes de
324 réponse des plantes aux stress biotiques et abiotiques. Par ailleurs, les champs biologiques de la variété *Norkotah*
325 présentent des niveaux plus faibles de nitrate dans le sol et d'azote dans le feuillage des plantes, ainsi que des
326 différences dans les communautés de bactéries du sol, ce qui suggère des liens possibles entre la gestion du sol
327 et les différences observées dans les défenses des plantes. Une deuxième variété de pomme de terre, *Alturas*,
328 qui est généralement cultivée avec moins d'intrants et dans des sols de moins bonne qualité, a présenté peu de
329 différences dans l'écologie du sol et peu de différences dans l'expression des gènes au sein des feuilles de pomme
330 de terre entre les systèmes d'agriculture biologique et conventionnel (Krey *et al.*, 2020).

331 Ces résultats sont en très bon accord avec ceux de Blundell *et al.* (2020) démontrant que les cicadelles sont moins
332 nombreuses à s'installer sur les tomates cultivées en gestion biologique qu'en gestion conventionnelle. En
333 particulier, ces auteurs montrent que les changements dans la fixation des cicadelles entre les tomates cultivées
334 biologiquement et conventionnellement dépendent de l'accumulation d'acide salicylique (une phytohormone
335 s'accumulant dans les plantes en réponse à l'attaque de pathogènes) dans les plantes et sont médiés par les
336 communautés microbiennes de la rhizosphère.

337

338 **2.4 Données de protéomique**

339

340 Dans la pratique, l'analyse protéomique s'attache à identifier de manière globale les protéines extraites d'une
341 culture cellulaire, d'un tissu ou d'un fluide biologique, leur localisation dans les compartiments cellulaires, leurs
342 éventuelles modifications post-traductionnelles ainsi que leur quantité (Jorin Novo, 2021).

343 Lehesranta *et al.* (2007) ont comparé les profils protéiques de tubercules de pomme de terre provenant de
344 systèmes agricoles biologiques et non biologiques. Les profils protéiques ont été déterminés par électrophorèse

345 bidimensionnelle et identification des protéines par HPLC-MS/MS (*Liquid Chromatography coupled to tandem*
346 *Mass Spectrometry*). L'analyse en composantes principales des données a montré que seules les pratiques de
347 gestion de la croissance (matière organique *versus* engrais minéraux) avaient un effet significatif sur la
348 composition protéique. Des différences quantitatives ont été détectées dans 160 des 1100 protéines de
349 tubercules séparées par électrophorèse bidimensionnelle. Les protéines identifiées par MS sont impliquées dans
350 la synthèse et le renouvellement des protéines, le métabolisme du carbone et de l'énergie et les réponses de
351 défense, ce qui suggère que la fertilisation organique entraîne une réponse accrue au stress dans les tubercules
352 de pomme de terre.

353 Dans une étude protéomique, Rempelos *et al.* (2013) ont étudié les effets (a) du remplacement de l'engrais
354 minéral par de l'engrais composté à base de fumier de bovins et (b) de l'absence de protection des cultures à
355 base de pesticides sur le rendement des tubercules de pomme de terre, la teneur en nutriments minéraux des
356 feuilles et des tubercules et les profils protéiques des feuilles. Les résultats montrent que le passage des engrais
357 minéraux aux engrais organiques entraîne une réduction de la disponibilité de l'azote, un changement significatif
358 de l'accumulation des protéines foliaires et une baisse du rendement en tubercules. En accord avec cela, il a été
359 démontré que le compost comme amendement du sol peut entraîner l'activation de la résistance systémique et
360 l'augmentation des activités des protéines liées à la défense des plantes contre les pathogènes (Vallad &
361 Goodman, 2004).

362 Kumar *et al.* (2017) ont caractérisé le protéome des gousses du haricot (*Phaseolus vulgaris* L.) de la variété
363 *Yardlon*. Dans ce travail, les protéines différenciellement accumulées des gousses immatures et matures des deux
364 systèmes ont été caractérisées par MALDI-ToF/MS (*Matrix-assisted laser desorption-ionization – time of flight*
365 *mass spectrometry*). Dans les deux systèmes de production, les protéines accumulées de manière différentielle
366 correspondent à des protéines de défense des plantes contre les stress environnementaux et contribuent aux
367 propriétés antioxydantes des gousses.

368

369 **2.5 Données de métabolomique**

370

371 Les métabolites, qui représentent les produits finaux des processus biochimiques, peuvent être considérés
372 comme l'ultime indicateur des processus de régulation cellulaire, rendant compte des adaptations ou des
373 changements des systèmes biologiques soumis à des stimuli environnementaux ou développementaux. Par
374 analogie avec les termes transcriptome et protéome, l'ensemble des métabolites produits par un système
375 biologique est appelé son métabolome. En raison de leur vaste métabolisme secondaire, les plantes possèdent
376 un métabolome extrêmement riche en métabolites (Pérez-Alonso *et al.*, 2018).

377 Cubero-Leon *et al.* (2018) ont développé une approche de métabolomique comparative à grande échelle pour
378 étudier l'effet du système de production agricole sur la composition en métabolites de carottes (*Daucus*
379 *carota* subsp. *sativus*) et construire des modèles statistiques à des fins de prédiction. Ces auteurs mettent en
380 évidence que les concentrations de cinq métabolites sont significativement différentes en comparant les tomates
381 cultivées en plein champ en agriculture biologique ou de manière conventionnelle. Il est intéressant de noter
382 que les marqueurs liés au métabolisme des glucides et aux mécanismes de défense des plantes (*e.g.*, acide
383 chlorogénique ; cf. Kundu & Vadassery, 2019) ont été identifiés comme étant les métabolites principalement
384 impliqués dans les différences entre les deux types de systèmes agricoles.

385 Mihailova *et al.* (2021) ont récemment publié une revue exhaustive sur l'utilisation de la métabolomique pour
386 discriminer entre les cultures biologiques et conventionnelles. Outre les travaux de Cubero-Leon *et al.* (2018)
387 cités plus haut, Xiao *et al.* (2018) ont réalisé une analyse métabolomique non ciblée d'échantillons de riz (*Oryza*
388 *sativa*) biologiques et conventionnels obtenus au cours de deux années de production consécutives (rappelons
389 que la métabolomique ciblée a pour objet de mesurer quantitativement et spécifiquement un métabolite ou un
390 nombre réduit de métabolites, alors que la métabolomique non ciblée a pour objet la caractérisation du plus
391 grand nombre de métabolites, sans *a priori* sur leur structure ou leur fonction). Parmi plus de 2000 composés
392 analysés, huit métabolites spécialisés (aussi appelés métabolites secondaires) identifiés ont été signalés comme
393 des marqueurs potentiels pour la discrimination entre le riz biologique et le riz conventionnel : l'histidinol (un
394 intermédiaire dans la synthèse de l'histidine qui est impliquée dans de nombreux stress oxydatifs), le pinorésinol
395 (un lignane impliqué dans les stress oxydatifs), la coumarine (un phénylpropanoïde impliqué dans les réaction de
396 défense des plantes), différents alcaloïdes (métabolites spécialisés pouvant agir comme des composés de
397 défense chez les plantes, étant efficaces contre les pathogènes et les prédateurs) (Xiao *et al.*, 2018).

398 Shepherd *et al.* (2014) ont évalué les effets du système agricole sur le métabolome des pommes de terre en
399 utilisant une analyse GC-MS et LC-MS non ciblée. L'analyse des métabolites polaires a permis d'identifier 71
400 métabolites qui étaient significativement différents entre les deux systèmes agricoles. Les acides aminés libres
401 et plusieurs glycoalcoïdes ont été signalés comme des marqueurs significatifs.

402 Il a également été signalé que les composés phénoliques différaient significativement entre les huiles d'olive
403 (*Olea europaea* L. subsp. *europaea* var. *europaea*) extra-vierge (EVOO) biologiques et conventionnelles.
404 Kalogiouri *et al.* (2017) ont utilisé l'UPLC-QTOF-MS (*Ultra-high performance liquid chromatography-quadrupole*
405 *time-of-flight mass spectrometry*) pour analyser des échantillons d'EVOO obtenus à partir d'olives d'une seule
406 variété sur deux années de production. L'étude a proposé qu'un flavonoïde, la lutéoline, soit responsable de la
407 discrimination entre les huiles biologiques et conventionnelles. L'un des rôles importants de la lutéoline est
408 qu'elle peut agir comme piégeur (*scavenger*) d'espèces réactives de l'oxygène responsables de dommages
409 oxydatifs (Araújo *et al.*, 2021).

410 D'autres exemples d'utilisation de la métabolomique pour la discrimination des produits de l'agriculture
411 biologique et conventionnelle sont présentés dans la revue de Mihailova *et al.* (2021). Sur la base de ces
412 exemples, ces auteurs concluent que l'approche métabolomique s'est avérée très efficace pour différencier les
413 cultures biologiques et conventionnelles. Ainsi, un large éventail de métabolites primaires et secondaires
414 (spécialisés), y compris les sucres, les acides organiques, les acides aminés et les composés phénoliques, diffèrent
415 de manière significative entre les cultures biologiques et conventionnelles et peuvent servir de marqueurs
416 discriminants potentiels.

417 Kessler *et al.* (2015) ont présenté les résultats d'une approche d'apprentissage automatique (*machine learning*)
418 au problème de la classification des données GC-MS provenant de grains de blé de différents systèmes de culture.
419 L'objectif est d'étudier le potentiel des algorithmes d'apprentissage pour classer les données GC-MS comme
420 provenant soit d'échantillons cultivés de manière conventionnelle, soit d'échantillons cultivés de manière
421 biologique et en considérant différents cultivars. Les résultats montrent clairement que, pour une année et un
422 cultivar donnés, la culture biologique et la culture conventionnelle peuvent être distinguées par des algorithmes
423 d'apprentissage automatique.

424 Phuenpong *et al.* (2021) ont caractérisé et comparé les profils des métabolites polaires non volatils des produits
425 laitiers liquides, biologiques et conventionnels, en utilisant une approche métabolomique non ciblée par
426 résonance magnétique nucléaire du proton (^1H -RMN). Des produits laitiers pasteurisés de 10 marques
427 différentes, disponibles sur le marché thaïlandais ont été analysés pour déterminer leurs principales
428 compositions chimiques et les données métabolomiques dérivées de la RMN- ^1H . Quarante-cinq métabolites
429 polaires non volatils ont été ainsi identifiés dans les échantillons de lait. L'analyse chimométrique (c'est-à-dire
430 l'application d'outils mathématiques, en particulier statistiques, pour obtenir le maximum d'informations à partir
431 de données chimiques) a permis de discriminer les échantillons de lait biologique et conventionnel sur la base
432 de leurs profils de métabolites ^1H -RMN. Les variations de la concentration relative de formate, de bétaïne, de
433 diméthylsulfone, de 2-oxoglutarate, de créatine, de pyruvate, de butyrate, de proline, d'acétoacétate, d'alanine,
434 de glycérophosphocholine, de carnitine et d'hippurate ont été identifiées statistiquement comme des
435 biomarqueurs potentiels responsables de la discrimination entre les échantillons de lait biologique et
436 conventionnel. Les variations de ces composés pourraient être le reflet des régimes alimentaires des animaux,
437 de la fermentation du rumen et de l'adaptation physiologique des vaches élevées dans des systèmes de
438 production laitière biologique. Ces résultats apportent de nouvelles perspectives et soutiennent l'efficacité de
439 l'utilisation de la RMN ^1H non ciblée, associée à la chimométrie pour étudier l'authenticité moléculaire des
440 produits alimentaires biologiques.

441 Ramaiya *et al.* (2021) ont examiné l'influence des pratiques culturales sur les métabolites spécialisés de la
442 barbadine (*Passiflora quadrangularis* L.) cultivée biologiquement et conventionnellement. Les résultats ont
443 révélé que les plantes traitées biologiquement présentent une différence de leurs profils de métabolites
444 spécialisés par rapport à ceux des plantes cultivées en conventionnel. Quatre groupes de vitamines ont été
445 identifiés et quantifiés dans les fruits, c'est-à-dire les vitamines A, B2, B3 et C. Il y a une différence significative
446 entre les teneurs en vitamines A, B3 et C dans les fruits cultivés biologiquement. Près de 200 métabolites
447 spécialisés identifiés ont été détectés et ont montré une plus grande abondance dans les feuilles et les parties
448 comestibles de la barbadine en culture biologique. Les métabolites spécialisés dans les feuilles sont
449 principalement des dérivés de flavonoïdes, des composés phénoliques et des terpénoïdes, métabolites
450 présentant des activités antioxydantes remarquables. Parmi ces métabolites spécialisés, 23 métabolites ont
451 montré une abondance plus de cinq fois supérieure dans les pratiques biologiques par rapport aux pratiques
452 conventionnelles. Globalement, cette étude a confirmé que la barbadine cultivée biologiquement possède des
453 activités antioxydantes plus élevées apportées par ses vitamines et ses métabolites secondaires (Ramaiya *et al.*,
454 2021).

455
456 **2.6 Données de phénomique**
457

458 Établir le lien entre le génotype et le phénotype est actuellement l'un des défis les plus importants de la biologie
459 végétale moderne. La phénotypique végétale est définie comme l'acquisition et l'analyse précise et à haut débit
460 de phénotypes multidimensionnels pendant les phases de croissance des cultures au niveau de l'organisme, y
461 compris au niveau de la cellule, du tissu, de l'organe, de la plante individuelle, de la parcelle et du champ (voir
462 par exemple Xu & Li, 2022). La performance phénotypique des cultures implique une interaction complexe entre
463 les génotypes et les facteurs environnementaux, notamment le climat, les facteurs pédologiques, les facteurs
464 abiotiques/biotiques et les méthodes de gestion des cultures (Zhao *et al.*, 2019). Avec le développement rapide
465 de nouveaux capteurs, de technologies d'imagerie et de méthodes d'analyse, de nombreuses plateformes
466 d'infrastructure ont été développées pour le phénotypage (Pinochet & Gouache, 2014 ; INRAE, 2017 ; AGAP
467 Institut, 2022) (Figure 3).

468 Dans une revue récente, Tripodi *et al.* (2022b) posent la question de comment l'application de dispositifs de
469 détection et la mise en œuvre de stratégies d'intelligence artificielle pour l'acquisition et la gestion de données
470 hautement dimensionnelles joueront un rôle clé pour répondre aux besoins de l'agriculture de nouvelle
471 génération et stimuler la sélection des cultures. À cette fin, combler l'écart avec les connaissances issues des
472 autres sciences omiques est l'objectif principal pour réduire le goulot d'étranglement qui entrave encore le
473 potentiel des milliers d'accessions existant pour chaque culture. Bien qu'il s'agisse d'une discipline émergente, la
474 phénotypique ne repose pas uniquement sur les avancées technologiques, mais englobe plusieurs autres
475 domaines scientifiques, notamment la biologie, les statistiques et la bioinformatique. Il est donc nécessaire
476 d'établir des synergies entre les groupes de recherche et de déployer des efforts transnationaux pour faciliter
477 l'accès de la communauté aux nouvelles méthodologies de calcul et aux informations connexes. Dans cette revue,
478 les auteurs illustrent les principaux concepts du phénotypage des plantes ainsi que les dispositifs de détection et
479 les mécanismes qui sous-tendent l'analyse de l'imagerie dans des environnements contrôlés et en plein champ.
480 Ils décrivent ensuite le rôle de l'intelligence artificielle et de l'apprentissage automatique pour l'analyse des
481 données et leur implication dans la sélection de nouvelle génération, en soulignant les efforts en cours pour la
482 gestion des données massives.

483 Signalons que l'Unité Expérimentale d'AgroÉcologie et de Phénotypage des Cultures (UE APC) du Centre INRAE
484 Occitanie-Toulouse a pour mission, avec d'autres partenaires [GEVES (Groupe d'étude et de contrôle des variétés
485 et des semences), EPLEFPA (Établissement public local d'enseignement et de formation professionnelle agricole)
486 Toulouse-Auzeville, Instituts techniques...], de mettre en place des expérimentations sur les grandes cultures
487 pour les unités de recherche INRAE, dans l'optique de contribuer à la transition agroécologique et au
488 développement durable. Les installations au champ se déploient sur deux systèmes de culture contrastés : un
489 système raisonné et un système en agriculture biologique (conversion initiée début 2021) au service de la
490 recherche et plus largement du monde agricole. Cette dynamique a pour but d'évaluer les nouvelles pratiques,
491 dans un contexte de mutation agricole, pour accompagner et conseiller au mieux les différents acteurs (INRAE,
492 2022b).

493 494 **3. Discussion**

495
496 L'analyse présentée dans cette Note démontre clairement que les approches omiques permettent de distinguer
497 sans aucune ambiguïté les cultures conduites biologiquement en comparaison des mêmes cultures conduites en
498 agriculture conventionnelle. Et ce, à tous les niveaux de l'expression des génomes, de leur transcription
499 (transcriptome), à la traduction de protéines (protéome) et à la synthèse de métabolites primaires et spécialisés
500 (métabolome). Ceci n'est pas surprenant, connaissant le très grand nombre d'études réalisées au cours des vingt
501 dernières années, démontrant le potentiel de ces approches pour la compréhension de l'adaptation des plantes
502 à de multiples stress environnementaux, biotiques et abiotiques (Meena *et al.*, 2017). Les travaux que nous avons
503 analysés illustrent le rôle primordial de la fertilisation azotée en agriculture biologique.

504 On le voit, une propriété fréquemment résultant des analyses omiques comparatives ici analysées est la réponse
505 des plantes aux stress environnementaux. Les plantes cultivées biologiquement expriment en effet de manière
506 préférentielle les gènes (et les produits de gènes) impliqués dans les réactions de défense des plantes contre les
507 stress biotiques et abiotiques (Tableau 1).

508 Partant de ce constat, nous formulons l'hypothèse suivante. Les plantes cultivées biologiquement pourraient
509 pour des raisons nutritionnelles (présence d'engrais organiques vs d'engrais de synthèse ; limitation en azote,
510 phosphore, potasse) être confrontées à une situation de stress, leur permettant d'enclencher une réponse
511 générale de stress. Ceci n'est pas sans rappeler le concept de *stress priming memory* (amorçage de la mémoire
512 de stress) développé depuis quelques années chez les plantes (Bruce *et al.*, 2007 ; Conrath, 2011 ; Mauch-Mani
513 *et al.*, 2017 ; Westman *et al.*, 2019). Selon ce concept, les plantes soumises à un premier stress sont capables de
514 développer une résistance durable à ce premier stress et à divers autres stress. Ainsi, les plantes cultivées

515 biologiquement pourraient enclencher ce type de mémoire de stress leur permettant de lutter efficacement
516 contre divers stress, notamment résultant de l'absence d'utilisation de molécules de synthèse utilisées en
517 agriculture conventionnelle pour la protection des cultures contre les agents pathogènes (e.g., pesticides).
518 Malgré une perte de rendement notable, ceci expliquerait la résistance exceptionnelle des plantes cultivées
519 biologiquement aux stress environnementaux, ainsi que souligné dans les articles que nous avons analysés
520 (Figure 4).

521 Notre hypothèse est supportée par plusieurs travaux montrant des variations significatives dans l'accumulation
522 de protéines de feuilles de maïs sous faible régime de fertilisation azotée. En particulier, ces travaux révèlent une
523 plus grande intensité de certaines protéines de défense, ce qui pourrait jouer un rôle possible dans la
524 transmission de la tolérance dans des conditions de privation d'azote (Nazir *et al.*, 2016). Par ailleurs, Zheng *et al.* (2021) proposent que la carence en azote renforce la défense anti-herbivore du riz *via* une défense constitutive par l'accumulation d'acides phénoliques et de flavonoïdes ; voir également Mur *et al.* (2017) et Sun *et al.* (2020).

528 Les altérations épigénétiques de la chromatine peuvent conduire à des modifications dans l'expression des
529 gènes, en activant certains ou en réprimant d'autres (Defosse et al.). De manière très intéressante, Kou *et al.*
530 (2011) démontrent que l'altération héréditaire de la méthylation de l'ADN induite par le stress lié à la carence en
531 azote s'accompagne d'une meilleure tolérance des descendants au stress chez le riz. On sait en effet que la
532 méthylation des cytosines (une des quatre bases de l'ADN) influe sur les stress biotiques et abiotiques, en
533 produisant des épiallèles, c'est-à-dire des variants géniques basés sur des marques épigénétiques transmises de
534 manière stable entre les générations (Conrath, 2011 ; Berger, 2013 ; Mauch-Mani *et al.*, 2017 ; INRAE, 2022c)
535 (Figure 1). En accord avec cette idée, Secco *et al.* (2017) illustrent dans leur revue que les réponses aux stress
536 nutritionnels s'accompagnent, chez les plantes, d'un remodelage de la chromatine impliquant la modification
537 des histones et la méthylation de l'ADN au niveau des résidus de cytosine. Ces auteurs proposent que la
538 méthylation de l'ADN, étant héritable par voie mitotique et méiotique, pourrait servir de mécanisme de mémoire
539 de stress, les modifications de la méthylation de l'ADN induites par le stress agissant comme un mécanisme
540 d'amorçage (*priming*) pour préparer les générations futures à faire face efficacement aux stress biotiques et
541 abiotiques. De manière similaire Fan *et al.* (2022) décrivent les effets du stress nutritif, tel le stress lié à l'azote,
542 au phosphore, au fer, au zinc, sur la méthylation de l'ADN des plantes, illustrant à nouveau le rôle de la réponse
543 épigénétique au stress nutritif.

544

545 **Conclusion**

546

547 Les enseignements tirés des travaux sur les omiques en agriculture biologique sont donc très forts. Des
548 recherches et approfondissements futurs permettront plus clairement encore de distinguer en termes de
549 certification entre produits issus de l'agriculture biologique et des agricultures conventionnelles, de mieux
550 comprendre l'adaptation des plantes aux stress environnementaux, de développer des pratiques culturales
551 fondées sur les travaux ici analysés, d'assister l'amélioration génétique des espèces cultivées, de développer de
552 nouvelles molécules de *stress priming memory* compatibles avec l'agriculture biologique [e.g., éliciteurs de
553 défense des plantes ; voir par exemple Jamiołowska (2020) et Garcia-Brugger *et al.* (2006)]. Nous espérons que
554 de tels développements s'intégreront dans les activités du Groupe de Travail Agriculture Biologique de
555 l'Académie d'agriculture de France. Enfin, il conviendrait de développer l'utilisation d'approches multi-omiques,
556 combinant plusieurs approches omiques, car plus performantes et informatives que les approches mono-
557 omiques ; voir par exemple Ichihashi *et al.* (2020). L'analyse intégrative de données multi-omiques peut être
558 utilisée pour construire les réseaux de régulation des caractères individuels, analyser les relations synergiques
559 entre les traits, et améliorer notre compréhension globale des réseaux de régulation moléculaire.

560 Concernant la *stress priming memory* induite *via* le remodelage de la chromatine chez les plantes carencées en
561 fertilisants, il serait très intéressant de caractériser les patrons de méthylation de la chromatine chez les plantes
562 cultivées biologiquement (voir Halabian *et al.*, 2021). Par ailleurs, il serait utile de rechercher chez les plantes
563 cultivées en agriculture biologique les éléments déclenchants (e.g., phytohormones) de l'immunité innée,
564 mécanisme permettant la survie au cours de l'évolution. Plusieurs travaux analysés dans cette Note font état
565 d'altérations dans les voies de signalisation de diverses phytohormones (éthylène, acide jasmonique, acide
566 salicylique) chez les plantes cultivées biologiquement.

567 Les travaux ici analysés sont très encourageants et suscitent l'espoir de réduire la part des intrants chimiques de
568 synthèse en agriculture sans (trop) altérer les rendements des cultures. Ceci est particulièrement important dans
569 le contexte actuel où le spectre d'une pénurie mondiale d'engrais inquiète les professionnels. En effet, pour
570 maintenir leur rentabilité, plusieurs fabricants européens d'engrais cessent leur production d'ammoniac, obtenu
571 en combinant l'azote de l'air et l'hydrogène provenant du gaz naturel.

572 Peu importe la dénomination attribuée à ces nouveaux systèmes agricoles : agroécologie, agriculture raisonnée,
573 agriculture biologique, agriculture de haute valeur environnementale... Le principal est de réduire l'impact
574 environnemental de l'agriculture tout en répondant à son ambition première : nourrir le monde. Ces objectifs
575 centraux paraissent aujourd'hui atteignables. Ces travaux expérimentaux offrent ainsi la possibilité de
576 caractériser des systèmes agricoles reproductibles sur lesquels les omiques s'appuieront pour mettre en
577 évidence les mécanismes moléculaires impliqués. Bien entendu, tant pour l'alimentation humaine que des
578 animaux d'élevage, il conviendra de soumettre tous ces nouveaux produits à des analyses génétiques,
579 statistiques, nutritionnelles et toxicologiques rigoureuses, disciplines pour lesquelles ce groupe de travail
580 comporte de nombreux experts (Lespinasse *et al.*, 1988 ; Charrier *et al.*, 2001 ; Le Buanec, 2012, 2020,2021 ;
581 Alabouvette *et al.*, 2018 ; Guéguen, 2019 ; Pascal, 2019 ; Goldringer *et al.*, 2020 ; Oswald & Parent-Massin, 2020 ;
582 Parent-Massin *et al.*, 2020, 2021 ; Vincent & Lasnier, 2021 ; Leterme, 2022 ; ; voir composition du groupe à
583 <https://www.academie-agriculture.fr/academie/groupe-de-travail/agriculture-biologique>).

584 Selon Jean-Marie Bouquery, membre de l'Académie d'agriculture de France, *la qualité spécifique (agriculture*
585 *biologique, appellations d'origine protégée, alimentation casher...)* est un baptême, une promesse, un signe, plus
586 *ou moins probant pour les sens et le mésentère. Elle n'est ni Supérieure (poulet Label), ni Spécifiée (diététique,*
587 *baby-food), mais peut être Standard ! A contrario LE conventionnel n'existe pas...*

588 Contrairement aux plantes, chez les animaux, les recherches sont principalement orientées sur le bien-être, les
589 propriétés nutritionnelles et nutraceutiques des produits de l'élevage (en comparaison des produits d'origine
590 végétale), ce qui suscite de nombreux débats sociétaux mais qui peine à identifier les mécanismes moléculaires
591 impliqués. Il serait ainsi important de soutenir des études telles que présentées dans cette analyse pour en savoir
592 plus, voir par exemple Tixier-Boichard *et al.* (2015) et Rexroad *et al.* (2019).

593

594 **Remerciements**

595

596 L'auteur remercie Christian Férault, Philippe Kim-Bonbled, Marie-Thérèse Esquerré-Tugayé, Jean-Marie
597 Bouquery et Jean-Yves Le Déaut, membres de l'Académie d'agriculture de France, pour leurs commentaires.

598

599 **Références**

600

601 AGAP Institut. 2022. *Phénotypage et modélisation des plantes dans leur environnement agro-climatique*
602 *(PhenoMEn)*, [https://umr-agap.cirad.fr/nos-recherches/equipes-scientifiques/phenotypage-et-modelisation-](https://umr-agap.cirad.fr/nos-recherches/equipes-scientifiques/phenotypage-et-modelisation-des-plantes-dans-leur-environnement-agro-climatique/contexte-et-enjeux)
603 [des-plantes-dans-leur-environnement-agro-climatique/contexte-et-enjeux](https://umr-agap.cirad.fr/nos-recherches/equipes-scientifiques/phenotypage-et-modelisation-des-plantes-dans-leur-environnement-agro-climatique/contexte-et-enjeux).

604

605 Alabouvette C, Ambolet B, Bernard JL. 2018. *Santé du végétal. 100 ans déjà ! Regards sur la phytopharmacie*,
606 Presses des Mines, Collection Académie d'agriculture de France, 177 p.

607

608 Andersen MM, Landes X, Xiang W, Anyshchenko A, Falhof J, Østerberg JT, Olsen LI, Edenbrandt AK, Vedel SE,
609 Thorsen BJ, Sandøe P, Gamborg C, Kappel K, Palmgren MG. 2015. *Feasibility of new breeding techniques for*
610 *organic farming*, Trends in Plant Science, 20(7), 426-434.

611

612 Araújo M, Prada J, Mariz-Ponte N, Santos C, Pereira JA, Pinto DCGA, Silva AMS, Dias MC. 2021. *Antioxidant*
613 *adjustments of olive trees (Olea Europaea) under field stress conditions*, Plants, 10(4), 684.

614

615 Arora L, Narula A. 2017. *Gene editing and crop improvement using CRISPR-cas9 system*, Frontiers in Plant Science,
616 8, 1932.

617

618 Ashraf MF, Hou D, Hussain Q, Imran M, Pei J, Ali M, Shehzad A, Anwar M, Noman A, Waseem M, Lin X. 2022.
619 *Entailing the next-generation sequencing and metabolome for sustainable agriculture by improving plant*
620 *tolerance*, International Journal of Molecular Sciences, 23(2), 651.

621

622 Anyshchenko A. 2022. *Aligning policy design with science to achieve food security: the contribution of genome*
623 *editing to sustainable agriculture*, Frontiers in Sustainable Food Systems, 6, 897643.

624

625 Barbieri P, Pellerin S, Seufert V, Smith L, Ramankutty N, Nesme T. 2021. *Global option space for organic*
626 *agriculture is delimited by nitrogen availability*, Nature Food, 2 (5), 363-372.

627

628 Berger F. 2013. *La mémoire d'une cellule*, Dossier Pour la Science, N° 81,
629 <https://www.pourlascience.fr/sd/genetique/la-memoire-d-une-cellule-7582.php>.
630

631 Billen G, Aguilera E, Einarsson R, Garnier J, Gingrich S, Grizzetti B, Lassaletta L, Le Noe J, Sanz-Cobena A. 2021.
632 Reshaping the European agro-food system and closing its nitrogen cycle: The potential of combining dietary
633 change, agroecology, and circularity, *One Earth* 4, 839-850.
634

635 Bineau E, Rambla JL, Priego-Cubero S, Hereil A, Bitton F, Plissonneau C, Granell A, Causse M. 2021. *Breeding*
636 *tomato hybrids for flavour: Comparison of GWAS results obtained on lines and F1 hybrids*, *Genes*, 12(9), 1443.
637

638 Blundell R, Schmidt JE, Igwe A, Cheung AL, Vannette RL, Gaudin ACM, Casteel CL. 2020. *Organic management*
639 *promotes natural pest control through altered plant resistance to insects*, *Nature Plants*, 6(5), 483-491.
640

641 BRESOV. 2022. *Shaping the future of organic breeding & farming*, <https://bresov.eu>.
642

643 Bruce TJA, Matthes MC, Napier JA, Pickett JA. 2007. *Stressful "memories" of plants: Evidence and possible*
644 *mechanisms*, *Plant Science*, 173(6), 603-608.
645

646 Charrier A, Jacquot M, Hamon S, Nicolas D. 2001. *Tropical plant breeding*, Quae, Collection Repères, 570 p.
647

648 Conrath U. 2011. *Molecular aspects of defence priming*, *Trends in Plant Science*, 16(10), 524-531.
649

650 Dattée Y, Pelletier. 2014. *Pourrons-nous vivre sans OGM ? 60 clés pour comprendre les biotechnologies végétales*,
651 Quae, Collection Études, 144 p.
652

653 Cubero-Leon E, De Rudder O, Macquet A. 2018. *Metabolomics for organic food authentication: Results from a*
654 *long-term field study in carrots*, *Food Chemistry*, 239, 760-770
655

656 Defossez Pa, Kirsh O, Naciri I, *Épigénétique*, Encyclopædia Universalis [en ligne], consulté le 28 août 2022, URL :
657 <https://www.universalis.fr/encyclopedie/epigenetique/>
658

659 EFSA. 2020. *L'EFSA publie une évaluation des risques pour la santé pour les glycoalcoïdes dans les pommes de*
660 *terre*, [https://www.phytocontrol.com/veille-reglementaire/lefsa-publie-une-evaluation-des-risques-pour-la-](https://www.phytocontrol.com/veille-reglementaire/lefsa-publie-une-evaluation-des-risques-pour-la-sante-pour-les-glycoalcoïdes-dans-les-pommes-de-terre/)
661 [sante-pour-les-glycoalcoïdes-dans-les-pommes-de-terre/](https://www.phytocontrol.com/veille-reglementaire/lefsa-publie-une-evaluation-des-risques-pour-la-sante-pour-les-glycoalcoïdes-dans-les-pommes-de-terre/).
662

663 Fan X, Peng L, Zhang Y. 2022. *Plant DNA methylation responds to nutrient stress*, *Genes*, 13, 992.
664 Fernie AR, Yan J. 2019. *De novo domestication: an alternative route toward new crops for the future*, *Molecular*
665 *Plant*, 12(5), 615-631.
666

667 Gali KK, Sackville A, Tafesse EG, Lachagari VBR, McPhee K, Hybl M, Mikić A, Smýkal P, McGee R, Burstin J,
668 Domoney C, Ellis THN, Tar'an B, Warkentin TD. 2019. *Genome-wide association mapping for agronomic and seed*
669 *quality traits of field pea (Pisum sativum L.)*, *Frontiers in Plant Science* 10, 1538.
670

671 Garcia-Brugger A, Lamotte O, Vandelle E, Bourque S, Lecourieux D, Poinssot B, Wendehenne D, Pugin A. 2006.
672 *Early signaling events induced by elicitors of plant defenses*, *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 19(7), 711-
673 724.
674

675 GEO. 2022. *Une agriculture zéro pesticide, c'est possible, selon un centre de recherche de l'Inrae*,
676 [https://www.geo.fr/environnement/une-agriculture-zero-pesticide-cest-possible-selon-un-centre-de-](https://www.geo.fr/environnement/une-agriculture-zero-pesticide-cest-possible-selon-un-centre-de-recherche-de-linrae-210235)
677 [recherche-de-linrae-210235](https://www.geo.fr/environnement/une-agriculture-zero-pesticide-cest-possible-selon-un-centre-de-recherche-de-linrae-210235), publié le 3/06/2022.
678

679 Goldringer I, van Frank G, Bouvier d'Yvoire C, Forst E, Galic N, Garnault M, Locqueville J, Pin S, Bailly J, Baltassat
680 R, Berthelot JF, Caizergues F, Dalmaso C, de Kochko P, Gascuel JS, Hyacinthe A, Lacanette J, Mercier F, Montaz
681 H, Ronot B, Rivière P. 2020. *Agronomic evaluation of bread wheat varieties from participatory breeding: A*
682 *combination of performance and robustness*, *Sustainability*, 1(12), 128.
683

684 Guéguen L. 2019. *Nourrir l'humanité ou préserver la planète ?* La Revue de l'Académie d'agriculture, 17, 25-28.

685
686 Guéguen L. 2021. *Les freins et limites de l'alimentation bio*, European Scientist,
687 <https://www.europeanscientist.com/fr/author/leon-gueguen/>.
688
689 Halabian R, Valizadeh Arshad, Ahmadi A, Saeedi P, Azimzadeh Jamalkandi S, Alivand MR. 2021. *Laboratory*
690 *methods to decipher epigenetic signatures: a comparative review*, Cellular & Molecular Biology Letters, 26, 46.
691
692 Hanak T, Madsen CK, Brinch-Pedersen H. 2022. *Genome editing-accelerated re-domestication (GEaReD) – a new*
693 *major direction in plant breeding*, Biotechnology Journal, 17, e2100545.
694
695 Hasan MM, Alabdallah NM, Alharbi BM, Waseem M, Yao G, Liu X-D, Abd El-Gawad HG, El-Yazied AA, Ibrahim
696 MFM, Jahan MS, Fang X-W. 2021. *GABA: A key player in drought stress resistance in plants*, International Journal
697 of Molecular Sciences, 22(18), 10136.
698
699 INRAE. 2017. *PHENOME. Un réseau français de phénotypage végétal haut débit*, [https://www6.angers-](https://www6.angers-nantes.inrae.fr/bia/BIA-a-la-Une/Projets-phares/PHENOME)
700 [nantes.inrae.fr/bia/BIA-a-la-Une/Projets-phares/PHENOME](https://www6.angers-nantes.inrae.fr/bia/BIA-a-la-Une/Projets-phares/PHENOME).
701
702 INRAE. 2018. *Plateforme CA-SYS : plateforme d'expérimentation collaborative en agroécologie à différentes*
703 *échelles*, [https://www6.inrae.fr/plateforme-casys/content/download/3473/33688/version/2/file/Plaquette-CA-](https://www6.inrae.fr/plateforme-casys/content/download/3473/33688/version/2/file/Plaquette-CA-SYS-web1.pdf)
704 [SYS-web1.pdf](https://www6.inrae.fr/plateforme-casys/content/download/3473/33688/version/2/file/Plaquette-CA-SYS-web1.pdf).
705
706 INRAE. 2021a. *Le métaprogramme METABIO. Changement d'échelle de l'agriculture biologique*,
707 <https://www6.inrae.fr/metabio/Presentation>.
708
709 INRAE. 2021b. *Améliorer la croissance des plantes : la piste de la sélection par les microbiotes rhizosphériques*,
710 <https://www.inrae.fr/actualites/ameliorer-croissance-plantes-piste-selection-microbiotes-rhizospheriques>.
711
712 INRAE. 2022a. *Agriculture biologique : vers un changement d'échelle*, [https://www.inrae.fr/actualites/dossier-](https://www.inrae.fr/actualites/dossier-presse-agriculture-biologique-changement-dechelle)
713 [presse-agriculture-biologique-changement-dechelle](https://www.inrae.fr/actualites/dossier-presse-agriculture-biologique-changement-dechelle).
714
715 INRAE. 2022b. *Une unité expérimentale pour étudier les grandes cultures*, <https://www6.toulouse.inrae.fr/uegca>
716
717 INRAE. 2022c. *Variabilité naturelle épigénétique*, [https://ijpb.versailles.inrae.fr/equipes-de-](https://ijpb.versailles.inrae.fr/equipes-de-recherche/variabilite-naturelle-epigenetique/presentation)
718 [recherche/variabilite-naturelle-epigenetique/presentation](https://ijpb.versailles.inrae.fr/equipes-de-recherche/variabilite-naturelle-epigenetique/presentation).
719
720 Ichihashi Y, Date Y, Shino A, Shimizu T, Shibata A, Kumaishi K, Funahashi F, Wakayama K, Yamazaki K, Umezawa
721 A, Sato T, Kobayashi M, Kamimura M, Kusano M, Che FS, O Brien M, Tanoi K, Hayashi M, Nakamura R, Shirasu K,
722 Kikuchi J, Nihei N. 2020. *Multi-omics analysis on an agroecosystem reveals the significant role of organic nitrogen*
723 *to increase agricultural crop yield*, Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of
724 America, 117(25), 14552-14560.
725
726 Isaac ME, Nimmo V, Gaudin ACM, Leptin A, Schmidt JE, Kallenbach CM, Martin A, Entz M, Carkner M, Rajcan I,
727 Boyle TD, Lu X. 2021. *Crop domestication, root trait syndromes, and soil nutrient acquisition in organic*
728 *agroecosystems: A systematic review*, Frontiers in Sustainable Food Systems, 5, 716480.
729
730 Jamiołkowska A. 2020. *Natural compounds as elicitors of plant resistance against diseases and new biocontrol*
731 *strategies*, Agronomy, 10, 173.
732
733 Jordan NR, Kuzma J, Ray DK, Foot K, Snider M, Miller K, Wilensky-Lanford E, Amarteifio G. 2022. *Should gene*
734 *editing be used to develop crops for continuous-living-cover agriculture? A multi-sector stakeholder assessment*
735 *using a cooperative governance approach*, Frontiers in Bioengineering and Biotechnology, 10, 843093.
736
737 Jorin Novo JV. 2021. *Proteomics and plant biology: contributions to date and a look towards the next decade*,
738 Expert Review of Proteomics, 18:2, 93-103.
739

740 Kalogiouri NP, Aalizadeh R, Thomaidis NS. 2017. *Investigating the organic and conventional production type of*
741 *olive oil with target and suspect screening by LC-QTOF-MS, a novel semi-quantification method using chemical*
742 *similarity and advanced chemometrics*, Analytical and Bioanalytical Chemistry, 409(23), 5413-5426.
743

744 Karavolias N, Horner W, Abugu M, Evanega S. 2021. *Application of gene editing for climate change in agriculture*,
745 *Frontiers in Sustainable Food Systems*, 5, 685801.
746

747 Kessler N, Bonte A, Albaum SP, Mäder P, Messmer M, Goesmann A, Niehaus K, Langenkämper G, Nattkemper
748 TW. 2015. *Learning to classify organic and conventional wheat – a machine learning driven approach using the*
749 *MeltDB 2.0 metabolomics analysis platform*, Frontiers in Bioengineering and Biotechnology, 3, 35.
750

751 Khoiri AN, Cheevadhanarak S, Jirakkakul J, Dulsawat S, Prommeenate P, Tachaleat A, Kusonmano K,
752 Wattanachaisaereekul S, Sutheworapong S. 2021. *Comparative metagenomics reveals microbial signatures of*
753 *sugarcane phyllosphere in organic management*, Frontiers in Microbiology, 12, 623799.
754

755 Kou HP, Li Y, Song XX, Ou XF, Xing SC, Ma J, Von Wettstein D, Liu B. 2011. *Heritable alteration in DNA methylation*
756 *induced by nitrogen-deficiency stress accompanies enhanced tolerance by progenies to the stress in rice (Oryza*
757 *sativa L.)*, Journal of Plant Physiology, 168(14), 1685-1693.
758

759 Krey KL, Nabity PD, Blubaugh CK, Fu Z, Van Leuven JT, Reganold JP, Berim A, Gang DR, Jensen AS, Snyder WE.
760 2020. *Organic farming sharpens plant defenses in the field*, Frontiers in Sustainable Food Systems, 4, 97.
761

762 Kumar DK, Mathew D, Nazeem PA et al. 2017. *A comparative proteome assay on the quality of yardlong bean*
763 *pods as influenced by the organic and inorganic nourishment systems*, Acta Physiologiae Plantarum, 39, 265.
764 Kundu A, Vadassery J. 2019. *Chlorogenic acid-mediated chemical defence of plants against insect herbivores*,
765 *Plant Biology*, 21(2), 185-189.
766

767 L'Agence Bio. 2022. *Les chiffres clés*, <https://www.agencebio.org/vos-outils/les-chiffres-cles/>.
768

769 Le Buanec B. 2012. *Le tout bio est-il possible ? 90 clés pour comprendre l'agriculture biologique* ; Quae, Collection
770 *Clés pour comprendre*, 240 p.
771

772 Le Buanec. 2020. *L'agriculture biologique en question*, Fiches encyclopédiques de l'Académie d'agriculture de
773 France, Fiche Questions Sur... n° 12.01.Q01 [https://www.academie-](https://www.academie-agriculture.fr/sites/default/files/publications/encyclopedie/final_12.01.q01_agribio_en_questions.pdf)
774 [agriculture.fr/sites/default/files/publications/encyclopedie/final_12.01.q01_agribio_en_questions.pdf](https://www.academie-agriculture.fr/sites/default/files/publications/encyclopedie/final_12.01.q01_agribio_en_questions.pdf).
775

776 Le Buanec B. 2021. *L'agriculture bio et l'environnement*, Fondapol,
777 [https://www.fondapol.org/app/uploads/2021/03/fondapol-etude-lagriculture-bio-et-lenvironnement-](https://www.fondapol.org/app/uploads/2021/03/fondapol-etude-lagriculture-bio-et-lenvironnement-lebuanec-190321.pdf)
778 [lebuanec-190321.pdf](https://www.fondapol.org/app/uploads/2021/03/fondapol-etude-lagriculture-bio-et-lenvironnement-lebuanec-190321.pdf).
779

780 Le Déaut JY, Procaccia C. 2017. *Les enjeux économiques, environnementaux, sanitaires et éthiques des*
781 *biotechnologies à la lumière des nouvelles pistes de recherche*, Rapport fait au nom de l'Office parlementaire
782 d'évaluation des choix scientifiques et technologiques, n° 507, tome I (2016-2017), [http://www.senat.fr/notice-](http://www.senat.fr/notice-rapport/2016/r16-507-1-notice.html)
783 [rapport/2016/r16-507-1-notice.html](http://www.senat.fr/notice-rapport/2016/r16-507-1-notice.html).
784

785 Lehesranta SJ, Koistinen KM, Massat N, Davies HV, Shepherd LVT, McNicol JW, Cakmak I, Cooper J, Lück L,
786 Kärenlampi SO, Leifert C. 2007. *Effects of agricultural production systems and their components on protein*
787 *profiles of potato tubers*, Proteomics, 7, 597-604.
788

789 Lespinasse Y, Fouillet A, Flick JD, Lespinasse JM, Delort, F. 1988. *Contribution to genetic studies in apple*, Acta
790 Horticulturae, 99-108.
791

792 Leterme P. 2022. *Questions à l'agriculture biologique*, Fiches encyclopédiques de l'Académie d'agriculture de
793 France, Fiche Questions Sur... n° 12.01.Q02, [https://www.academie-](https://www.academie-agriculture.fr/sites/default/files/publications/encyclopedie/final_12.01.q02_questions_a_agri_bio_2022.pdf)
794 [agriculture.fr/sites/default/files/publications/encyclopedie/final_12.01.q02_questions_a_agri_bio_2022.pdf](https://www.academie-agriculture.fr/sites/default/files/publications/encyclopedie/final_12.01.q02_questions_a_agri_bio_2022.pdf).
795

796 Li Q, Yan J. 2020. *Sustainable agriculture in the era of omics: knowledge-driven crop breeding*, Genome Biology,
797 21, 154.
798
799 LRSV (Laboratoire de Recherche en Sciences Végétales). 2022. *Microbial interactions in the rhizosphere and roots*,
800 [https://www.lrsv.ups-tlse.fr/equipes-de-recherche/interactions-microbiennes-dans-la-rhizosphere-et-les-
802 racines/#membres](https://www.lrsv.ups-tlse.fr/equipes-de-recherche/interactions-microbiennes-dans-la-rhizosphere-et-les-
801 racines/#membres).
803 MacLaren C, Mead A, van Balen D, Claessens L, Etana A, de Haan J, Haagsma W, Jäck O, Keller T, Labuschagne J,
804 Myrbeck Å, Necpalova M, Nziguheba G, Six J, Strauss J, Swanepoel PA, Thierfelder C, Topp C, Tshuma F, Verstegen
805 H, Walker R, Watson C, Wesselink M, Storkey J. 2022. *Long-term evidence for ecological intensification as a
806 pathway to sustainable agriculture*, Nature Sustainability, 2022, <https://doi.org/10.1038/s41893-022-00911-x>.
807
808 Mauch-Mani B, Baccelli I, Luna E, Flors V. 2017. *Defense priming: An adaptive part of induced resistance*, Annual
809 Review of Plant Biology, 68(1), 485-512.
810
811 Meena KK, Sorty AM, Bitla UM, Choudhary K, Gupta P, Pareek A, Singh DP, Prabha R, Sahu PK, Gupta VK, Singh
812 HB, Krishanani KK, Minhas PS. 2017. *Abiotic stress responses and microbe-mediated mitigation in plants: the
813 omics strategies*, Frontiers in Plant Science, 8, 172.
814
815 Mata-Nicolás E, Montero-Pau J, Gimeno-Paez E, Garcia-Carpintero V, Ziarsolo P, Menda N, Mueller LA, Blanca J,
816 Cañizares J, van der Knaap E, Díez MJ. 2020. *Exploiting the diversity of tomato: the development of a
817 phenotypically and genetically detailed germplasm collection*, Horticulture Research, 7, 66.
818
819 Mihailova A, Kelly SD, Chevallier OP, Elliott CT, Maestroni BM, Cannavan A. 2021. *High-resolution mass
820 spectrometry-based metabolomics for the discrimination between organic and conventional crops: A review*,
821 Trends in Food Science & Technology, 110,142-154.
822
823 Mur LAJ, Simpson C, Kumari A, Gupta AK, Gupta KJ. 2017. *Moving nitrogen to the centre of plant defence against
824 pathogens*, Annals of Botany, 119(5), 703–709.
825
826 Nazir M, Pandey R, Siddiqi TO, Ibrahim MM, Qureshi MI, Abraham G, Vengavasi K, Ahmad A. 2016. *Nitrogen-
827 deficiency stress induces protein expression differentially in low-N tolerant and low-N sensitive maize genotypes*,
828 Frontiers in Plant Science, 7, 298.
829
830 Nesme J, Achouak W, Agathos SN, Bailey M, Baldrian P, Brunel D, Frostegård Å, Heulin T, Jansson JK, Jurkevitch
831 E, Kruus KL, Kowalchuk GA, Lagares A, Lappin-Scott HM, Lemanceau P, Le Paslier D, Mandic-Mulec I, Murrell JC,
832 Myrold DD, Nalin R, Nannipieri P, Neufeld JD, O'Gara F, Parnell JJ, Pühler A, Pylro V, Ramos JL, Roesch LF, Schlöter
833 M, Schleper C, Sczyrba A, Sessitsch A, Sjöling S, Sørensen J, Sørensen SJ, Tebbe CC, Topp E, Tsiamis G, van Elsas
834 JD, van Keulen G, Widmer F, Wagner M, Zhang T, Zhang X, Zhao L, Zhu YG, Vogel TM, Simonet P. 2016. *Back to
835 the future of soil metagenomics*, Frontiers in Microbiology, 7, 73.
836
837 Oswald I, Parent-Massin D. 2020. *Mycotoxines : incidences sur la sécurité sanitaire des aliments*, Paysans &
838 société 2020/4, N° 382.
839
840 Pacifico D, Onofri C, Parisi B, Ostano P, Mandolino G. 2017. *Influence of organic farming on the potato
841 transcriptome*, Sustainability, 9(5), 779.
842
843 Pérez-Alonso MM, Carrasco-Loba V, Pollmann S. 2018. *Advances in plant metabolomics*, Annual Plant Reviews
844 online (1(2), August 2018).
845
846 Pinochet X, Gouache D. 2014. *Phénotypage. L'expérimentation dopée par le haut débit*, Perspectives Agricoles,
847 411, 78-80, [https://www.perspectives-
849 agricoles.com/file/galleryelement/pj/e4/94/15/b0/411_7562168942884002717.pdf](https://www.perspectives-
848 agricoles.com/file/galleryelement/pj/e4/94/15/b0/411_7562168942884002717.pdf).
850
851 Phuenpong T, Kongboonkird M, Duangmal K, Lerdvorasap W, Suksawwawimon M, Mekboonsonglarp W,
Nuamchit J, Chantaprasarn N, Settachaimongkon S. 2021. *Molecular discrimination between organic and*

852 *conventional liquid milk products in Thailand using ¹H-NMR metabolomics approach*, Tropical Animal Science
853 Journal, 44(4), 478-488.

854

855 Parent-Massin D, Ambolet B, Dron M, Pascal G. 2021. *Les toxines de la pomme de terre font-elles courir un risque*
856 *au consommateur ?* Fiche encyclopédique de l'Académie d'agriculture de France, Fiche Questions sur... n°
857 08.02.Q05, [https://www.academie-](https://www.academie-agriculture.fr/sites/default/files/publications/encyclopedie/final_08.02.q05_toxines_pomme_de_terre.pdf)
858 [agriculture.fr/sites/default/files/publications/encyclopedie/final_08.02.q05_toxines_pomme_de_terre.pdf](https://www.academie-agriculture.fr/sites/default/files/publications/encyclopedie/final_08.02.q05_toxines_pomme_de_terre.pdf).

859

860 Parent-Massin D, Pascal G, Marzin D. 2020. *Danger et risque en toxicologie alimentaire*, Fiche encyclopédique de
861 l'Académie d'agriculture de France, Fiche Questions sur... n° 08.02.Q03, [https://www.academie-](https://www.academie-agriculture.fr/sites/default/files/publications/encyclopedie/final_08.02.q03_danger_risque.pdf)
862 [agriculture.fr/sites/default/files/publications/encyclopedie/final_08.02.q03_danger_risque.pdf](https://www.academie-agriculture.fr/sites/default/files/publications/encyclopedie/final_08.02.q03_danger_risque.pdf).

863

864 Pascal G. 2019. *Nitrite dans l'alimentation : revenons à la science*, Les Échos, Publié le 12 décembre 2019,
865 [https://www.lesechos.fr/idees-debats/cercle/opinion-nitrite-dans-l'alimentation-revenons-a-la-science-](https://www.lesechos.fr/idees-debats/cercle/opinion-nitrite-dans-l'alimentation-revenons-a-la-science-1155892)
866 [1155892](https://www.lesechos.fr/idees-debats/cercle/opinion-nitrite-dans-l'alimentation-revenons-a-la-science-1155892).

867

868 Purnhagen KP, Clemens S, Eriksson D, Fresco LO, Tosun J, Qaim M, Visser RGF, Weber APM, Wesseler JHH,
869 Zilberman D. 2021. *Europe's Farm to Fork strategy and its commitment to biotechnology and organic farming:*
870 *Conflicting or complementary goals?* Trends in Plant Science, 26(6), 600-606.

871

872 Ramaiya SD, Lee HH, Xiao YJ, Shahbani NS, Zakaria MH, Bujang JS. 2021. *Organic cultivation practices enhanced*
873 *antioxidant activities and secondary metabolites in giant granadilla (Passiflora quadrangularis L.)*, PLoS One,
874 16(7), e0255059.

875

876 Rempelos L, Cooper J, Wilcockson S, Eyre M, Shotton P, Volakakis N, Orr CH, Leifert C, Gatehouse AMR, Tétard-
877 Jones C. 2013. *Quantitative proteomics to study the response of potato to contrasting fertilisation regimes*,
878 Molecular Breeding, 31, 363–378.

879

880 Rexroad C, Vallet J, Matukumalli LK, Reecy J, Bickhart D, Blackburn H, Boggess M, Cheng H, Clutter A, Cockett N,
881 Ernst C, Fulton JE, Liu J, Lunney J, Neiberghs H, Purcell C, Smith TPL, Sonstegard T, Taylor J, Telugu B, Eenennaam
882 AV, Tassell CPV, Wells K. 2019. *Genome to phenome: Improving animal health, production, and well-being – A*
883 *new USDA blueprint for animal genome research 2018–2027*, Frontiers in Genetics, 10, 327.

884

885 Ricroch A, Boussard JM, Dattée Y, Gallais A, Gate P, Houdebine LM, Kressmann G, Laquière B, Gracien P, Le
886 Buanec B, Mauchamp B, Richard-Molard M, Morot-Gaudry JF, Pelletier G, Pernollet JC, Planchenault D, Regnault-
887 Roger C, Serpellonis M. 2018. *Green biotechnologies: A strategic issue for the future of the French seed industry*,
888 Notes Académiques de l'Académie d'agriculture de France 2018, 2, 1-20.

889

890 Rosa-Martínez E, Adalid AM, Alvarado LE, Burguet R, García-Martínez MD, Pereira-Dias L, Casanova C, Soler E,
891 Figàs MR, Plazas M, Prohens J, Soler S. 2021. *Variation for composition and quality in a collection of the resilient*
892 *Mediterranean 'de penjar' long shelf-life tomato under high and low N fertilization levels*, Frontiers in Plant
893 Science, 12, 633957.

894

895 Secco D, Whelan J, Rouached H, Lister R. 2017. *Nutrient stress-induced chromatin changes in plants*, Current
896 Opinion in Plant Biology, 39, 1-7.

897

898 Sharpe RM, Gustafson L, Hewitt S, Kilian B, Crabb J, Hendrickson C, Jiwan D, Andrews P, Dhingra A. 2020.
899 *Concomitant phytonutrient and transcriptome analysis of mature fruit and leaf tissues of tomato (Solanum*
900 *lycopersicum L. cv. Oregon Spring) grown using organic and conventional fertilizer*, PLoS One, 15(1), e0227429.

901

902 Shepherd LVT, Hackett CA, Alexander CJ, Sungurtas JA, Pont SDA, Stewart D, McNicol JW, Wilcockson SJ, Leifert
903 C, Davies HV. 2014. *Effect of agricultural production systems on the potato metabolome*, Metabolomics, 10(2),
904 212-224.

905

906 Sun Y, Wang M, Mur LAJ, Shen Q, Guo S. 2020. *Unravelling the roles of nitrogen nutrition in plant disease*
907 *defences*, International Journal of Molecular Sciences, 21(2), 572.

908

909 Susana MP, Carvalho SMP, Vasconcelos MW. 2013. *Producing more with less: Strategies and novel technologies*
910 *for plant-based food biofortification*, Food Research International, 54, 961-971.
911

912 Tenea GN, Cordeiro Raposo F, Maquet A. 2012. *Comparative transcriptome profiling in winter wheat grown under*
913 *different agricultural practices*, Journal of Agricultural and Food Chemistry, 60(44), 10970-10978.
914

915 Tibbs Cortes L, Zhang Z, Yu J. 2021. *Status and prospects of genome-wide association studies in plants*, Plant
916 Genome, 14(1), e20077.
917

918 Tixier-Boichard M, Verrier E, Rognon X, Zerjal T. 2015. *Farm animal genetic and genomic resources from an*
919 *agroecological perspective*, Frontiers in Genetics, 6, 153.
920

921 Tripodi P, Soler S, Campanelli G, Díez MJ, Esposito S, Sestili S, Figàs MR, Leteo F, Casanova C, Platani C, Soler E,
922 Bertone A, Pereira-Dias L, Palma D, Burguet R, Pepe A, Rosa-Martínez E, Prohens J, Cardi T. 2021. *Genome wide*
923 *association mapping for agronomic, fruit quality, and root architectural traits in tomato under organic farming*
924 *conditions*, BMC Plant Biology, 21, 481.
925

926 Tripodi P, Figàs MR, Leteo F, Soler S, Díez MJ, Campanelli G, Cardi T, Prohens J. 2022a. *Genotypic and*
927 *environmental effects on morpho-physiological and agronomic performances of a tomato diversity panel in*
928 *relation to nitrogen and water stress under organic farming*, Frontiers in Plant Science, 13, fpls-13-936596.
929

930 Tripodi P, Nicastro N, Pane C. 2022b. *Digital applications and artificial intelligence in agriculture toward next-*
931 *generation plant phenotyping*, Crop & Pasture Science, <https://doi.org/10.1071/CP21387>.
932

933 Vallad GE, Goodman RM. 2004. *Systemic acquired resistance and induced systemic resistance in conventional*
934 *agriculture*, Crop Science, 44, 1920-1934.
935

936 Vincent C, Lasnier J. 2021. *Sustainable arthropod management in Quebec vineyards*, Agriculture, 10(4), 91.
937

938 Van der Werf HMG, Trydeman Knudsen M, Cederberg C. 2020. *Towards better representation of organic*
939 *agriculture in life cycle assessment*, Nature Sustainability, 3(6), 419-425.
940

941 van Dijk JP, Cankar K, Hendriksen PJM, Beenen HG, Zhu M, Scheffer SJ, Shepherd LVT, Stewart D, Davies HV, Carlo
942 C, Wilkockson SJ, Gruden K, Kok EJ. 2012. *The identification and interpretation of differences in the transcriptomes*
943 *of organically and conventionally grown potato tubers*, Journal of Agricultural and Food Chemistry, 60(9), 2090-
944 2101.
945

946 Westman SM, Kloth KJ, Hanson J, Ohlsson AB, Albrechtsen BR. 2019. *Defence priming in Arabidopsis – a meta-*
947 *analysis*, Scientific Reports, 9, 13309.
948

949 Wu X, Jia Q, Ji S, Lü G, Gao H. 2020. *Gamma-aminobutyric acid (GABA) alleviates salt damage in tomato by*
950 *modulating Na⁺ uptake, the GAD gene, amino acid synthesis and reactive oxygen species metabolism*, BMC Plant
951 Biology 20, 465.
952

953 Xiao R, Ma Y, Zhang D, L. Qian L. 2018. *Discrimination of conventional and organic rice using untargeted LC-MS-*
954 *based metabolomics*, Journal of Cereal Science, 82, 73-81.
955

956 Xu R, Li C. 2022. *A review of high-throughput field phenotyping systems: Focusing on ground robots*, Plant
957 Phenomics, 2022, Article ID 9760269.
958

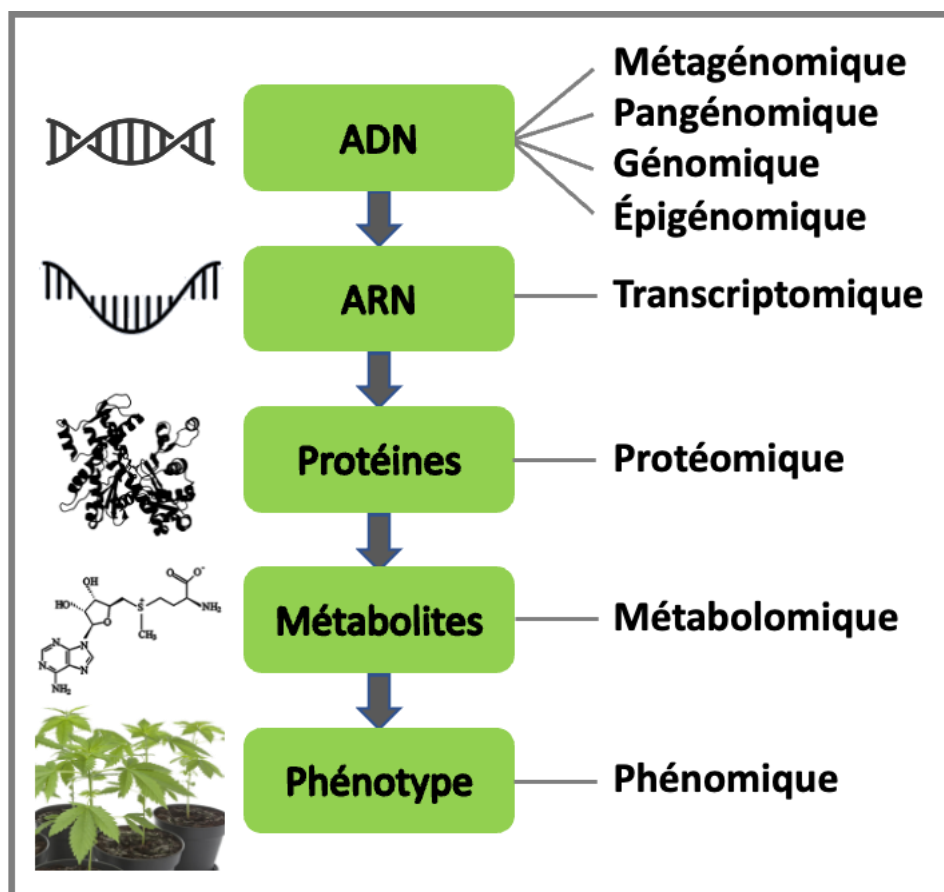
959 Zhao C, Zhang Y, Du J, Guo X, Wen W, Gu S, Wang J, Fan J. 2019. *Crop phenomics: Current status and perspectives*,
960 Frontiers in Plant Science, 10, 714.
961

962 Zheng Y, Zhang X, Liu X, Qin N, Xu K, Zeng R, Liu J, Song Y. 2021. *Nitrogen supply alters rice defense against the*
963 *striped stem borer Chilo suppressalis*, Frontiers in Plant Science, 12, 691292.
964

965
966
967
968
969
970
971
972
973
974
975
976
977
978
979
980
981
982
983
984

Figure 1. Processus biologiques menant de l'ADN au phénotype et indication des omiques (méthodes d'étude) associées à chaque étape du flux d'information génétique de l'ADN aux métabolites, en passant par les ARN, les protéines et les métabolites. **Métagénomique** (méthode d'étude du contenu génétique d'échantillons issus d'environnements complexes, prélevés dans la nature); **Pangénomique** (approche pour décrire la gamme complète de gènes dans une espèce; il s'agit d'un sur-ensemble de tous les gènes de toutes les souches d'une espèce; analyse des nombreuses variations génétiques chez de nombreux individus afin d'étudier leurs corrélations avec des traits phénotypiques); **Génomique** (approche pour étudier le fonctionnement d'un organisme, d'un organe, etc. à l'échelle du génome); **Épigénomique** (méthode d'étude de l'ensemble des modifications épigénétiques d'une cellule; les modifications épigénétiques sont réversibles dans l'ADN de la cellule ou les histones); **Transcriptomique** (étude de l'ensemble des ARN produits lors du processus de transcription d'un génome); **Protéomique** (méthode d'étude de l'ensemble des protéines d'un organisme, d'un fluide biologique, d'un tissu, d'une cellule ou même d'un compartiment cellulaire); **Métabolomique** [méthode d'étude de l'ensemble des métabolites primaires et des métabolites spécialisés (ainsi que synthétisés par les enzymes) dans le cas des plantes, présents dans une cellule, un organe, un organisme; la figure présente la structure de la S-Adénosylméthionine, donneur universel de groupement méthyle chez tous les organismes vivants, impliquée notamment dans la méthylation des cytosines de l'ADN (marques épigénétiques)]; **Phénomique** (étude systématique des phénotypes).

Les omiques peuvent être utilisées seules ou en combinaison. On parle alors d'approches multiomiques.



985
986
987

988
989
990
991
992
993
994
995
996

Figure 2. Diversité phénotypique des fruits de tomate, d'après Mata-Nicolás et al. (2020). Cette étude a porté sur 163 accessions de plusieurs pays d'Amérique du Sud (régions andines du Pérou et de l'Équateur et Més-Amérique). Cette diversité phénotypique a été corrélée à la diversité nucléotidique des génomes de tomates de la collection de plantes étudiées par séquençage génomique et approche d'association pangénomique (genome-wide association studies ; GWAS). Un nombre total de 37 974 SNP (single-nucleotide polymorphism) sur 19 364 146 ont été décrits comme ayant un impact élevé sur les phénotypes. Pour d'autres études de GWAS chez les plantes, voir Gali et al. (2019) ; Bineau et al. (2021) et Tripodi et al. (2021, 2022a).



997
998
999
1000

1001
1002
1003
1004
1005
1006
1007

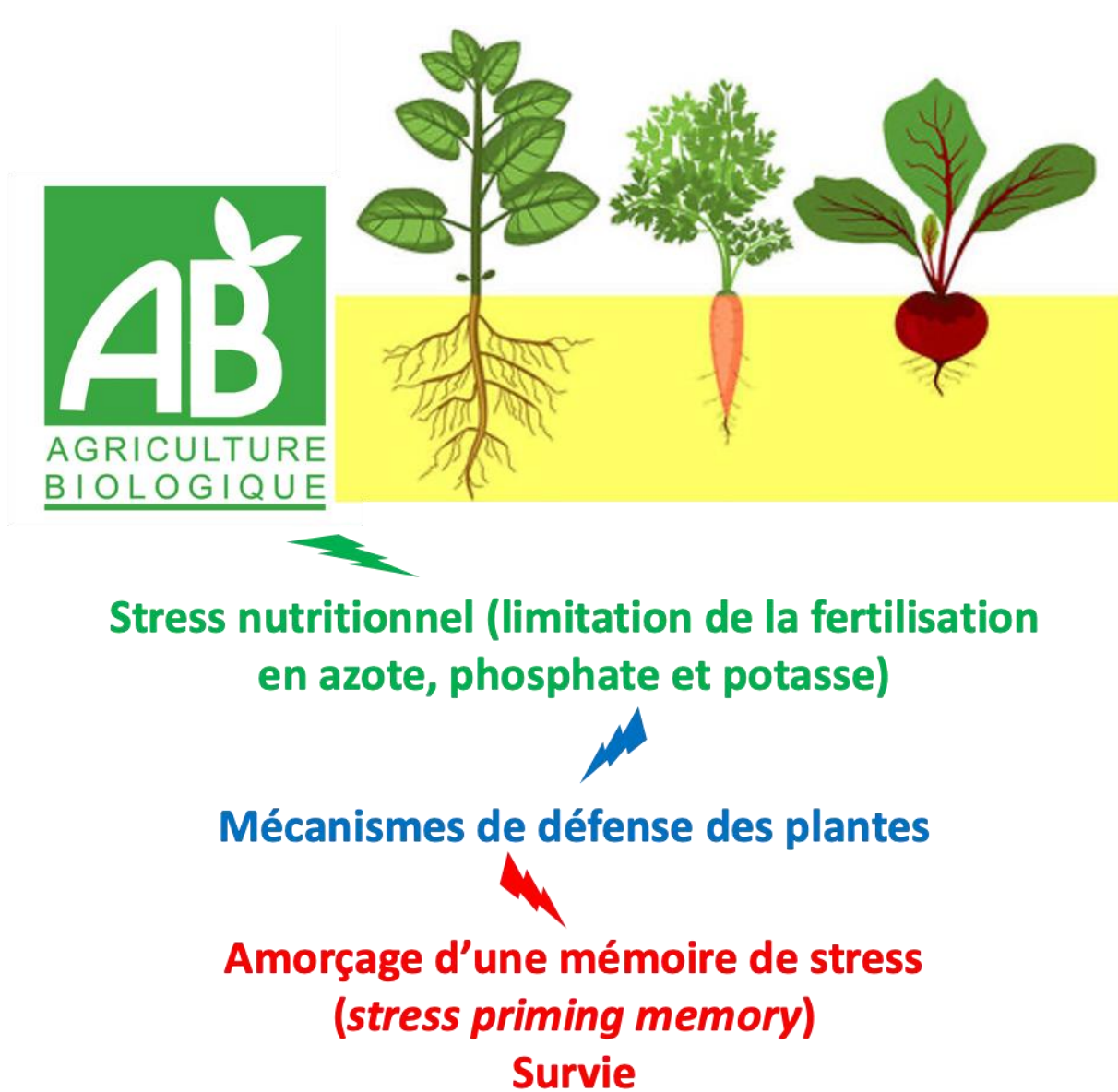
Figure 3. La plateforme de phénotypage Phenoarch est l'un des modules Phenome de Montpellier. Elle a une capacité de 1 500 plantes par expérience avec un environnement contrôlé (par exemple, température, humidité, irrigation) et une imagerie automatique au fil du temps (13 images par plante et par jour). Voir Montpellier Plant Phenotyping Platforms (M3P) : <https://www6.montpellier.inrae.fr/lepse/Plateformes-de-phenotypage/Montpellier-Plant-Phenotyping-Platforms-M3P>.



1008
1009
1010
1011
1012

1013
1014
1015
1016
1017

Figure 4. Hypothèse concernant la survie des plantes cultivées biologiquement en réponse aux stress environnementaux, notamment la limitation de l'azote dans le sol (stress azoté), et induction de l'amorçage d'une mémoire de stress.



1018
1019
1020

1021 *Tableau 1. Mécanismes de réponse des plantes cultivées biologiquement et conventionnellement sous fertilisation*
 1022 *limitée en azote, révélés par les approches omiques référencées à ce jour.*
 1023

| Plante | Type de culture | Omique | Réponse | Références |
|----------------|-----------------|---------------------------------|---|----------------------------------|
| Canne à sucre | Biologique | Métagénomique | Résilience de la communauté microbienne du sol pour faire face aux facteurs de stress environnementaux | Khoiri <i>et al.</i> (2021) |
| Tomate | Biologique | Transcriptomique | Réponse des plantes contre les stress oxydatifs | Sharpe <i>et al.</i> (2020) |
| Blé | Biologique | Transcriptomique | Métabolisme de défense des plantes, métabolisme des flavonols | Tenea <i>et al.</i> (2012) |
| Pomme de terre | Biologique | Transcriptomique | Relation des plantes au stress | Pacifico <i>et al.</i> (2017) |
| Pomme de terre | Biologique | Transcriptomique | Voie de la lipoxigénase, stress biotiques | van Dijk <i>et al.</i> (2012) |
| Pomme de terre | Biologique | Transcriptomique | Signalisation éthylène, défense des plantes | Krey <i>et al.</i> (2020) |
| Pomme de terre | Biologique | Protéomique | Synthèse et renouvellement des protéines, métabolisme du carbone et de l'énergie, réponses de défense des plantes | Lehesranta <i>et al.</i> (2007) |
| Pomme de terre | Biologique | Protéomique | Synthèse et renouvellement des protéines, métabolisme du carbone et de l'énergie, réponses de défense des plantes | Rempelos <i>et al.</i> (2013) |
| Haricot | Biologique | Protéomique | Défense des plantes contre les stress environnementaux | Kumar <i>et al.</i> (2017) |
| Carotte | Biologique | Métabolomique | Métabolisme des glucides, défense des plantes (acide chlorogénique) | Cubero-Leon <i>et al.</i> (2018) |
| Riz | Biologique | Métabolomique | Stress oxydatif, défense des plantes | Xiao <i>et al.</i> (2018) |
| Barbadine | Biologique | Métabolomique | Stress oxydatifs | Ramaiya <i>et al.</i> (2021) |
| Maïs | Conventionnelle | Protéomique | Mémoire de stress liée à une diminution de la fertilisation azotée | Nazir <i>et al.</i> (2016) |
| Riz | Conventionnelle | Séquençage génomique haut débit | Régulation épigénétique, méthylation de la chromatine sous faible fertilisation azotée des plantes | Kou <i>et al.</i> (2011) |

1024
 1025