

Le microbiote des semences : diversité, assemblage et transmission

The seed microbiota: diversity, assembly and transmission

Matthieu Barret

IRHS, 42 rue Georges Morel, 49071 Beaucouze, France

Correspondance :

matthieu.barret@inrae.fr

Résumé

Les plantes vivent en association avec de vastes communautés de micro-organismes, ou microbiotes, qui contribuent à la valeur adaptative des plantes. Il est admis que la majorité des membres du microbiote est issue d'un réservoir local de diversité comme le sol. Néanmoins une multitude d'espèces microbiennes utilisent la graine comme vecteur de dispersion. Cette transmission de micro-organismes par les graines permet d'assurer un processus d'héritage d'une partie du microbiote végétal entre générations de plantes. Ce document de synthèse aborde le microbiote des graines en se focalisant sur (1) sa diversité, (2) l'origine de ses membres, (3) les processus impliqués dans son assemblage, (4) sa dynamique lors des premières étapes d'installation des cultures,

(5) son rôle fonctionnel et (6) son potentiel pour l'ingénierie microbienne en agriculture.

Abstract

Plants are associated with vast communities of micro-organisms, or microbiota, which contribute to their adaptive value. It is usually acknowledged that most members of the microbiota originate from a local reservoir of diversity, such as the soil. However, a multitude of microbial species use the seed as a dissemination vector. This transmission of micro-organisms *via* seeds ensures plant microbiota inheritance from one plant generation to the next. Here, we review seed microbiota with a particular emphasis on (1) its diversity, (2) the origin of its members, (3) the processes involved

in its assembly, (4) its dynamics during the early stages of crop establishment, (5) its functional role and (6) its potential for microbial engineering in agriculture.

Mots clés

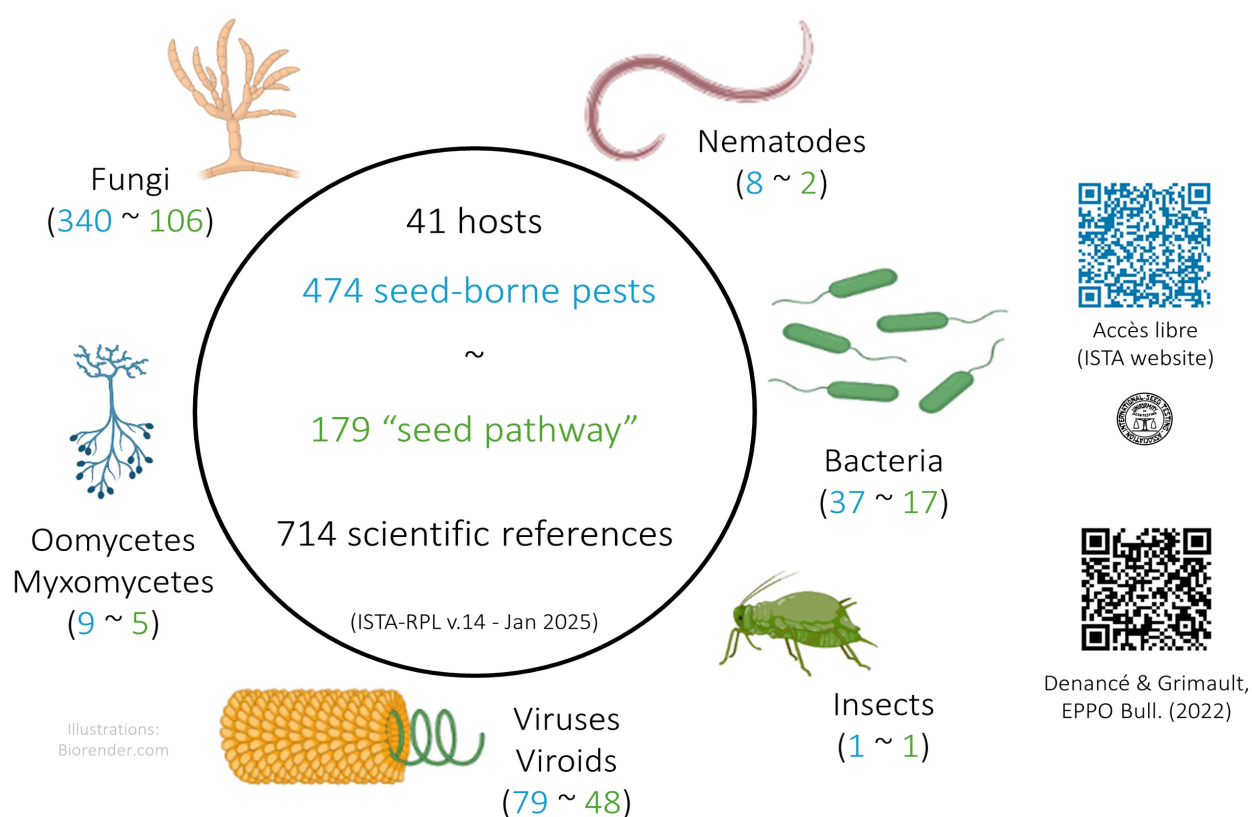
diversité, écologie des communautés, graine, installation des cultures, micro-organismes, transmission

Keywords

crop establishment, diversity, microbial ecology, micro-organisms, seed, transmission

Introduction

Historiquement la graine a été perçue comme un vecteur de dissémination de micro-organismes phytopathogènes pouvant mener à l'introduction de maladies dans de nouvelles zones géographiques (Baker et Smith, 1966). D'après la liste de référence de l'*International Seed Testing Association* (ISTA v14, 2025), 474 bio-agresseurs ou agents pathogènes potentiels ont été recensés au sein d'une centaine de lots de semences récoltées sur 41 espèces végétales (Denancé et Grimault, 2022) (figure 1). C'est pourquoi l'obtention de lots de semences dépourvus d'agents phytopathogènes est le point de départ de la gestion des maladies végétales. Cette qualité



sanitaire optimale des lots de semences est le fruit d'un ensemble de mesures de gestion prises durant la culture des porte-graines ainsi que des traitements post-récolte.

Les semences hébergent une multitude d'espèces microbiennes

La graine n'est pas un vecteur de dispersion uniquement réservé aux agents phytopathogènes. L'essor des approches de caractérisation de la diversité microbienne par séquençage d'amplicons, ou *metabarcoding* (tableau 1), a permis d'estimer la composition des communautés bactériennes et fongiques, pathogènes ou non, associées aux semences. Une récente méta-analyse répertoriant plus de 3 000 lots de semences collectés sur une cinquantaine d'espèces végétales a recensé des milliers d'espèces bactériennes et fongiques associées aux lots analysés (Simonin *et al.*, 2022).

Tableau 1. Le metabarcoding.

Le metabarcoding est une technique fondée sur l'amplification et le séquençage d'un fragment d'ADN. Ce fragment doit posséder des régions conservées à ses extrémités afin de garantir une amplification de l'ensemble des micro-organismes associés à un règne (archées, bactéries, micro-eucaryotes). Toutefois le polymorphisme de séquence au sein de ce fragment doit être suffisamment important pour distinguer les différents taxons. Des portions du gène codant l'ARNr 16S sont généralement utilisées pour estimer la composition des communautés bactériennes. Ce gène est en effet ubiquiste chez les procaryotes et présente des régions polymorphes dites hypervariables. La comparaison des séquences de ces régions hypervariables permet de détecter la présence de taxons bactériens au sein d'échantillons.

Cet atlas de la diversité microbienne associée aux semences est consultable sur l'entrepôt *Recherche Data Gouv* (2021).

Les espèces microbiennes associées aux semences sont principalement issues de quatre phyla bactériens, que sont *Actinomycetota*, *Bacillota*, *Bacteroidota*, *Pseudomonadata* (figure 2B) et de trois classes fongiques que sont *Dothideomycetes*, *Sordariomycetes* et *Tremellomycetes* (Simonin *et al.*, 2022). Ces mêmes clades sont très fréquemment détectés dans d'autres compartiments végétaux, ou encore au voisinage des racines ou à la surface des feuilles (Trivedi *et al.*, 2020). Toutefois l'ensemble des espèces microbiennes associées aux plantes ne se retrouvent pas systématiquement au sein des semences. C'est le cas notamment de plusieurs micro-organismes telluriques comme les champignons mycorhiziens à arbuscules (Glomeromycètes) ou des bactéries formant des nodosités avec les légumineuses comme le genre *Bradyrhizobium* (Compant *et al.*, 2025). Ces observations indiquent qu'il existe des mécanismes adaptatifs impliqués dans la transmission à la semence.

S'il est assez difficile de distinguer le microbiote des graines des autres compartiments végétaux sur la base de sa composition taxonomique, la taille de la communauté (nombre d'individus) et sa richesse spécifique (nombre d'espèces) sont inférieures à celles de la phyllosphère et de la rhizosphère. À titre d'exemple, une centaine de cellules bactériennes réparties en une petite dizaine d'espèces sont associées à une graine de haricot (Chesneau *et al.*, 2022), tandis que l'on retrouve un million de cellules et plus d'un millier d'espèces dans un gramme de sol avoisinant les racines (Pérez-Jaramillo *et al.*, 2019). Toutefois de très fortes variations de composition de communautés sont observées au sein de graines collectées sur une même plante, voire d'un même fruit (Chesneau *et al.*, 2022). Étant donné que la diversité microbienne est très souvent évaluée

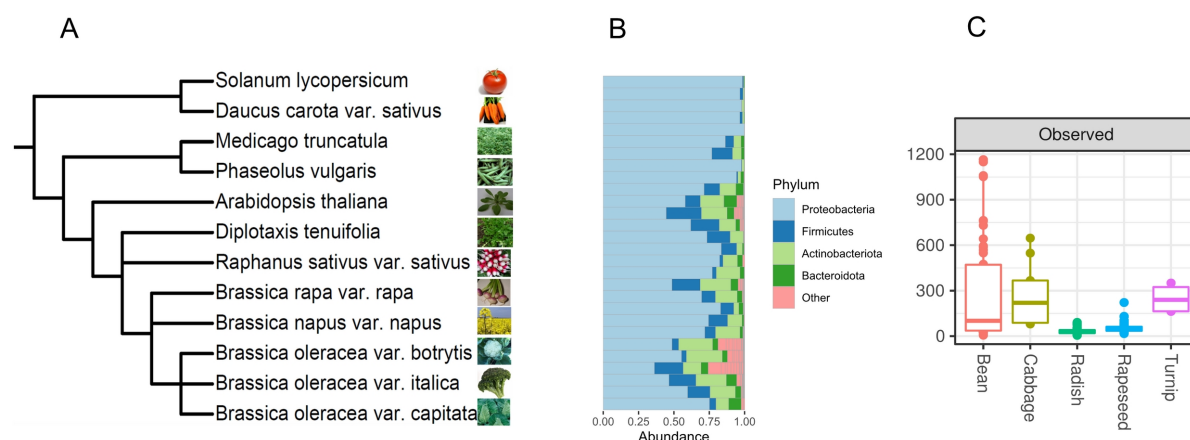


Figure 2. Diversité du microbiote des semences. (A) Espèces végétales ciblées. (B) Composition taxonomique et (C) richesse bactérienne observée (Barret et al., 2015).

dans des lots d'une centaine de semences, la richesse spécifique peut atteindre jusqu'à 1 000 espèces bactériennes par échantillon (figure 2C).

Les membres du microbiote des semences peuvent coloniser les différents tissus de la graine, comme la surface de l'embryon, l'endosperme ou le tégument (Abdelfattah et al., 2023). Les micro-organismes localisés en surface des tissus sont décrits comme épiphytes, alors que ceux présents au sein des tissus sont catégorisés comme endophytes. La distinction entre communautés endophytes et épiphytes est généralement réalisée suite à des traitements de stérilisation de surface des graines. Ces protocoles sont toutefois discutables, car ils ne permettent pas totalement d'éliminer l'ADN des micro-organismes épiphytes, qui sont alors comptabilisés dans la fraction endophyte.

Les approches fondées sur la dissection des différents tissus de la graine sont beaucoup plus analytiques, mais non transposables à des lots de semences. Une telle approche a par exemple été effectuée sur des grains de blé, en dissociant l'embryon, l'endosperme et le tégument (Robinson et al., 2016). Cette étude a permis de mettre en évidence un gradient de

diversité microbienne croissant de l'embryon vers les assises cellulaires externes.

Origine des membres du microbiote des semences

Trois voies principales sont employées par les micro-organismes lors de leur transmission aux semences (figure 3A). La première est une voie de transmission interne des graines *via* les tissus vasculaires. La deuxième est une voie florale qui correspond à la colonisation des tissus reproducteurs par un inoculum aérien, inoculum qui colonise ensuite les ovaires par la migration du tube pollinique. Enfin la troisième est une contamination externe où les micro-organismes se retrouvent en surface des graines lors d'un contact avec les fruits ou résidus de culture (Maude, 1996). Évaluer avec précision l'importance relative de ces voies de transmission repose sur des analyses de localisation microscopique (figure 3B) fondées sur l'utilisation de souches marquées avec un fluorophore (Darrasse et al., 2018).

Une estimation du mode de transmission de

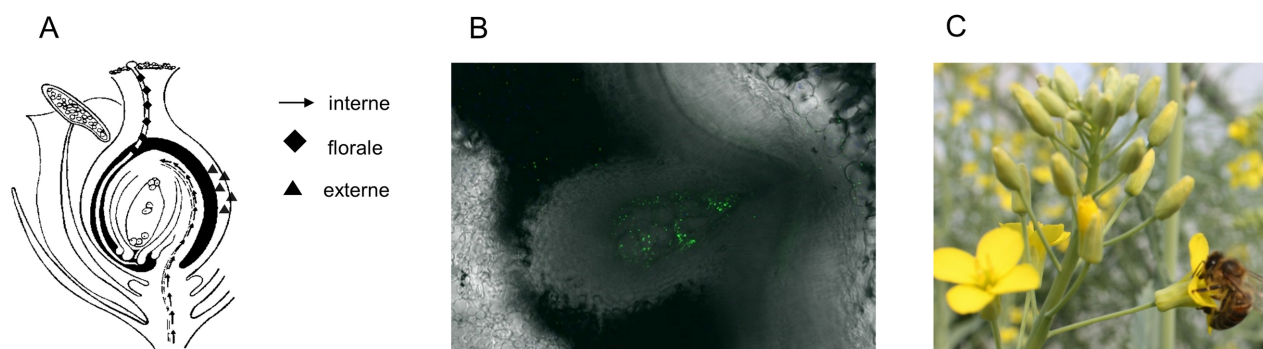


Figure 3. Transmission des micro-organismes aux graines. (A) Schéma représentant les trois principales voies de transmission des micro-organismes aux graines (d'après Maude 1996). (B) Colonisation des graines de haricot par une souche de *X. citri* pv. *fuscans* marquée avec une protéine fluorescente (Darrasse et al., 2018). (C) Fleur de colza visitée par *Apis mellifera* (Prado et al., 2020).

l'ensemble des taxons microbiens peut néanmoins être réalisée de manière indirecte en collectant des données de séquençage sur des sources d'inoculum potentielles (par exemple, l'atmosphère, les tissus végétaux, le sol, les pollinisateurs) et en les comparant aux données de séquençage des communautés microbiennes associées aux semences.

Ces approches ont notamment été réalisées pour estimer la contribution de la voie florale chez deux espèces végétales, le haricot et le radis (Chesneau et al., 2020). Chez le haricot, seulement 2 % des taxons bactériens détectés dans les graines étaient également associés aux fleurs. Pour le radis, environ un tiers des membres du microbiote des graines était détecté dans les fleurs.

Les différences du mode de pollinisation entre ces deux espèces (autogame pour le haricot, allogame pour le radis) pourraient expliquer la contribution beaucoup plus importante de la voie florale chez le radis. Les taxons transmis par voie florale peuvent non seulement provenir de l'atmosphère, mais également d'insectes pollinisateurs. Les abeilles domestiques (figure 3C) sont par exemple capables de transférer des taxons bactériens au microbiote des graines de colza (Prado et al., 2020). Ces observations ont des implications importantes dans la réévaluation des services des

pollinisateurs, qui devraient inclure le transfert de micro-organismes vers les graines.

Facteurs impliqués dans les processus d'assemblage du microbiote des graines

Des variations importantes de composition du microbiote des graines ont été mises en évidence (figure 4) chez les graines de différentes familles végétales comme les *Amaranthaceae*, *Asteraceae*, *Brassicaceae*, *Cucurbitaceae*, *Fabaceae*, *Poaceae* ou *Solanaceae* (Simonin et al., 2022). Ces différences pourraient être en partie expliquées par la nature des réserves accumulées entre familles botaniques (lipides, protéines, sucres, eau) (Nelson 2004), la durée des phases de développement de la graine (embryogenèse, remplissage et maturation) (Leprince et al., 2016) ou encore le mode de pollinisation (allogamie vs autogamie) (Chesneau et al., 2020). Ces variations peuvent également être associées à la co-évolution entre la plante et son cortège de micro-organismes. Par exemple, des événements de domestication indépendants au sein du genre *Phaseolus*, qui regroupe les espèces de haricots, provoquent des changements similaires dans la composition

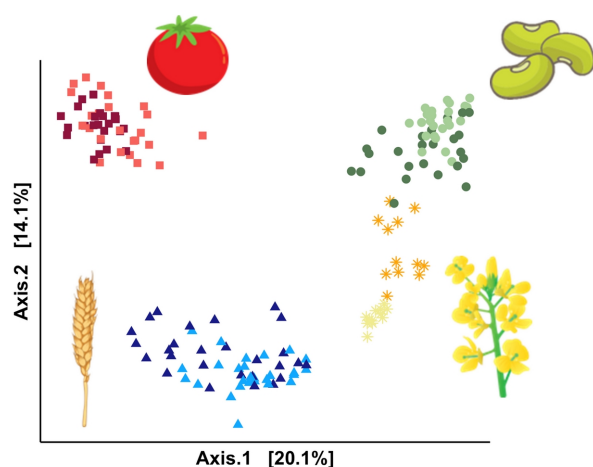


Figure 4. Différences de composition des communautés fongiques associées aux graines de quatre espèces végétales. Chaque point représente une communauté fongique (estimée via le séquençage de la région intergénique ITS1). La distance entre deux points dans cet espace à deux dimensions est inversement proportionnelle à leur similarité. Cette étude a été réalisée sur huit génotypes par espèce végétale (bleu = blé, rouge = tomate, vert = haricot, jaune = colza) produits dans deux zones de productions (couleur claire ou foncée).

du microbiote des graines (Soldan *et al.*, 2024). Cette modification du microbiote est corrélée à une altération des concentrations en calcium et en magnésium au sein de graines (Soldan *et al.*, 2024). Ces résultats indiquent que les changements phénotypiques sélectionnés pendant la domestication influencent directement la composition microbienne, offrant des perspectives pour améliorer les applications microbiennes en agriculture. L'assemblage du microbiote des graines est également influencé par des facteurs pédo-climatiques propres à chaque zone de production, ainsi que les itinéraires techniques utilisés par les multiplicateurs. Par exemple, une étude réalisée sur cinq cultivars de haricot multipliés sur deux sites distincts a établi que 60 % des variations de structure des

communautés fongiques étaient expliquées par le site de multiplication (Klaedtke *et al.*, 2016). Une autre étude effectuée sur un même site de multiplication de semences de colza a mis en évidence un effet important de l'année de récolte dans les variations de composition bactérienne (15 %) et fongique (65 %), confirmant l'importance du filtre environnemental pour les membres du microbiote des semences (Rocheftort *et al.*, 2019).

La sélection par l'environnement ou l'hôte ne permet pas d'expliquer l'ensemble des variations de structure du microbiote des graines. Ainsi la dérive écologique, qui correspond à la perte aléatoire de membres du microbiote, semble être particulièrement importante au sein des communautés bactériennes associées aux graines, notamment lors des phases de maturation des graines de radis (Rezki *et al.*, 2018).

Transmission du microbiote des graines aux plantules

La présence d'un micro-organisme à la surface ou dans les tissus de la graine ne garantit pas forcément sa transmission à la plantule. Parmi les 474 bioagresseurs répertoriés par l'ISTA, environ 40 % se transmettent à la plantule (figure 1) (Denancé et Grimault, 2022).

La germination des graines se caractérise par des changements physiologiques rapides et la libération d'exsudats composés de métabolites primaires et spécialisés. Cette exsudation exerce une pression sélective importante sur les communautés microbiennes des graines, pression exacerbée par la compétition avec les communautés microbiennes issues du sol. La fraction du microbiote des graines transmises aux plantules est très variable en fonction des dispositifs expérimentaux et des espèces étudiées, et oscille entre 2 % et 50 % (Rocheftort *et al.*, 2019; Walsh *et al.*, 2021).

Pour la bactérie phytopathogène *X. citri* pv. *fuscans*, la transmission de la graine à la plantule dépend en partie de sa taille de population initiale (Darrasse *et al.*, 2007). Cette observation a été récemment confirmée avec d'autres membres bactériens du microbiote des graines de haricot (Arnault *et al.*, 2024). En effet, l'abondance des taxons bactériens associés aux graines est significativement corrélée à leur abondance sur plantules. Il est alors possible de moduler la composition du microbiote des plantules de haricot en inoculant des souches lors de traitements post-récolte. La concentration initiale des bactéries associées aux graines n'explique cependant pas totalement (~ 70 % de la variance observée) leur transmission à la plantule. En effet, certaines souches se transmettent plus efficacement que d'autres. L'enrichissement de ces souches au sein de l'habitat plantule pourraient être associé à des déterminants génétiques spécifiques.

Les traits microbiens impliqués dans la primo-colonisation des plantules sont largement méconnus. Des approches de séquençage aléatoire massif ont permis de corréler la présence de certains taxons bactériens sur plantules à une stratégie écologique de type copiotrophe, à savoir un taux de croissance important lorsque les ressources nutritionnelles sont abondantes. En effet de nombreux gènes impliqués dans le transport et le métabolisme des sucres et acides aminés étaient sur-représentés au sein des plantules (Torres-Cortés *et al.*, 2018). La consommation efficace des ressources nutritives (ou compétition d'exploitation) semble être un des facteurs clés de la transmission des micro-organismes aux plantules.

D'autres mécanismes fondés sur la production de molécules antimicrobiennes (ou compétition d'interférence) peuvent également moduler la transmission des micro-organismes aux plantules. La compétition d'interférence *via* l'injection de toxines aux activités multiples (phospholipases, peptidases, DNases) par un système de sécrétion spécialisé, le T6SS, est

notamment impliquée dans les phases de transmission de *Stenotrophomonas rhizophila* aux plantules (Garin *et al.*, 2024). Ce système de sécrétion, permet d'inhiber la croissance de compétiteurs bactériens *in vitro* et *in planta*, dont l'agent phytopathogène *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* (Garin *et al.*, 2024).

Impact du microbiote des graines sur l'installation des cultures

Si la structure taxonomique du microbiote des graines est relativement bien caractérisée, nous n'avons encore que peu de connaissances sur les fonctions réalisées par ces communautés microbiennes et leurs impacts sur le phénotype de l'hôte.

La présence de certains champignons endophytes transmis par les semences (apparentés aux genres *Epichloë* et *Cladosporium*) peut moduler des caractères importants pour la vigueur des graines comme la levée de dormance ou la vitesse de germination (Rétif *et al.*, 2023). Des changements de composition des communautés microbiennes associées aux semences ont également été corrélés à des différences de taux de germination chez les sétaires (Escobar-Rodríguez *et al.*, 2020) ou la vitesse de germination du colza (Rocheffort *et al.*, 2019). Si les mécanismes impliqués dans ces modulations phénotypiques ne sont pas encore clairement établis, il est probable que l'augmentation de la concentration en gibbérellines soit en partie impliquée dans ces modifications. En effet, des graines d'ivraie stérilisées en surface ne sont pas capables de sortir de dormance à moins d'être supplémentées en gibbérellines (Goggin *et al.*, 2015). Par ailleurs, une grande diversité de gibbérellines a été détectée dans les filtrats de cultures de plusieurs champignons endophytes transmis par les semences (Radhakrishnan *et al.*, 2013).

De nombreux membres du microbiote des

semences possèdent également des activités stimulatrices de croissance des plantes. Ce potentiel biostimulant est généralement évalué à des stades précoces de développement des plantes (7 à 15 jours post-germination) suite à l'inoculation de lots de graines avec les souches ciblées. À titre d'exemple, l'inoculation d'une souche de *Cladosporium cladosporioides* promeut non seulement la croissance de son hôte (*Suaeda salsa*), mais également d'autres espèces végétales comme le copalme d'Amérique (*Liquidambar styraciflua*) de manière dépendante de la concentration (Qin *et al.*, 2016). Par ailleurs, la réinoculation de souches bactériennes affiliées à *Lysinibacillus* sp. et à *Paenibacillus dendritiformis* améliore la croissance de plantules de maïs (Pal *et al.*, 2022). La production d'acide indole 3-acétique par ces deux endophytes bactériens pourrait être impliquée dans cette activité biostimulatrice (Pal *et al.*, 2022).

Certains membres du microbiote des graines limitent le développement d'agents phytopathogènes. C'est notamment le cas de souches bactériennes de l'espèce *Enterobacter cloacae* qui diminue l'incidence des fontes de semis causées par *Globisporangium ultimum* (Nelson 2004). Un élément clé du cycle infectieux de *G. ultimum* est la germination rapide des propagules suite à la libération d'acides gras insaturés dans les exsudats des graines. Les souches d'*E. cloacae* peuvent métaboliser très rapidement ces acides gras et, ainsi, limiter la germination des propagules (Nelson, 2004).

D'autres mécanismes de protection reposent sur la production de molécules altérant la biosynthèse de facteurs de virulence. C'est le cas d'une souche de *Sphingomonas melonis*, bactérie endophyte présente dans des variétés de riz partiellement résistantes à la brûlure bactérienne des semis causée par *Burkholderia plantarii* (Matsumoto *et al.*, 2021). *S. melonis* confère une résistance aux plantules de riz en produisant de l'acide anthranilique qui interfère avec un régulateur transcriptionnel de *B. plantarii*, altérant la production des facteurs de

virulence de cette dernière sans en affecter la croissance (Matsumoto *et al.*, 2021).

Enfin le microbiote des graines peut avoir des conséquences à plus long terme sur l'établissement des cultures en favorisant l'installation de micro-organismes bénéfiques pour la croissance de la plante. Ainsi des grains de blé inoculés avec des souches de *Cladosporium* vont favoriser le recrutement du symbiote *Phialocephala fortinii* dans la rhizosphère de cette espèce végétale (Ridout *et al.*, 2019). Les mécanismes impliqués dans ce recrutement demeurent à ce jour inconnus.

Conclusions et perspectives

Une manière de moduler la composition du microbiote des graines est de passer par la construction de communautés de micro-organismes simplifiées (Joubert *et al.*, 2025). La faible diversité des communautés microbiennes associées aux graines, conjuguée aux processus de formulation post-récolte (par exemple, enrobage ou pelliculage), font de la graine un support idéal pour déployer ces *consortia* microbiens.

Une stratégie complémentaire au déploiement de *consortia* microbiens en traitement post-récolte repose sur l'introduction de micro-organismes au sein de la plante mère avant que le développement de la graine ne soit terminé. Les micro-organismes inoculés se retrouvent ensuite incorporés dans les tissus de la graine. Cette approche, appelée *EndoSeed*, a été notamment réalisée avec la bactérie *Paraburkholderia phytofirmans* PsJN (Mitter *et al.*, 2017). L'inoculation par pulvérisation de PsJN dans les fleurs des plantes mères permet son inclusion dans les graines de plusieurs espèces cultivées telles que blé, maïs, poivron et soja. Comparativement aux méthodes d'enrobage, la plus-value de cette technique réside dans une meilleure survie des micro-organismes inoculés au sein des tissus de graine et permet un stockage des lots de graines inoculées à plus long terme.

Quelle que soit la méthode d'inoculation sélectionnée, il est nécessaire d'améliorer notre compréhension des processus impliqués dans l'assemblage des communautés microbiennes des plantules. En effet, l'efficacité d'inoculants déployés sur graine peut être réduite dans des sols très diversifiés (Walsh *et al.*, 2021). Ce déficit de transmission pourrait être expliqué par la relation positive entre la diversité d'une communauté microbienne et sa résistance à l'invasion. D'autres concepts comme la théorie des niches écologiques, qui décrit la manière dont un organisme ou une population réagit à la répartition des ressources et des concurrents, pourrait guider le développement de *consortia* microbiens se transmettant de manière robuste aux plantules. En effet, lors de la germination, le relargage d'exsudats au voisinage des graines va moduler le nombre de niches disponibles et, ainsi, modifier les interactions entre les membres des communautés microbiennes du sol et des graines (Joubert *et al.*, 2025). L'étude des stratégies d'histoire de vie microbienne (croissance, reproduction, survie) pourrait également aider à identifier les traits favorisant une colonisation efficace. Il est également impératif d'évaluer les effets à long terme de ces inoculants sur les écosystèmes du sol afin de garantir des pratiques durables et responsables.

Références

- Abdelfattah A, Tack AJM, Lobato C, Wassermann B, Berg B. 2023. From seed to seed: the role of microbial inheritance in the assembly of the plant microbiome, *Trends in Microbiology*, 31(4), 346-55. DOI:10.1016/j.tim.2022.10.009.
- Arnault G, Marais C, Prévieux A, Briand M, Poisson A-S, Sarniguet S, Barret S, Simonin M. 2024. Seedling microbiota engineering using bacterial synthetic community inoculation on seeds, *FEMS Microbiology Ecology*, 100(4), fiae027. DOI:10.1093/femsec/fiae027.
- Baker K, Smith S. 1966. Dynamics of seed transmission of plant pathogens, *Annual Review of Phytopathology*, 4, 311-32.
- Barret M, Briand M, Bonneau S, Prévieux A, Valière S, Bouchez O, Hunault G, Simoneau P, Jacques MA. 2015. Emergence shapes the structure of the seed microbiota, *Applied and Environmental Microbiology*, 81(4), 1257-66. DOI:10.1128/AEM.03722-14.
- Chesneau G, Torres-Cortes G, Briand M, Darrasse A, Prévieux A, Marais C, Jacques M-A, Shade A, Barret M. 2020. Temporal dynamics of bacterial communities during seed development and maturation, *FEMS Microbiology Ecology*, 96(12), fiae190. DOI:10.1093/femsec/fiae190.
- Chesneau G, Laroche B, Prévieux A, Marais C, Briand M, Marolleau M, Simonin M, Barret M. 2022. Single seed microbiota: assembly and transmission from parent plant to seedling, *mBio*, 13(6), e01648-22. DOI:10.1128/mbio.01648-22.
- Compant S, Cassan F, Kostić T, Johnson L, Brader G, Trognitz F, Sessitsch A. 2025. Harnessing the plant microbiome for sustainable crop production, *Nature Reviews Microbiology*, 23(1), 9-23. DOI:10.1038/s41579-024-01079-1.
- Darrasse A, Barret M, Cesbron S, Compant S, Jacques M-A. 2018. Niches and routes of transmission of *Xanthomonas citri* pv. *fuscans* to bean seeds, *Plant and Soil*, 422(1-2), 115-28. DOI:10.1007/s11104-017-3329-3.
- Darrasse A, Bureau C, Samson R, Morris CE, Jacques M-A. 2007. Contamination of bean seeds by *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* associated with low bacterial densities in the phyllosphere under field and

greenhouse conditions, *European Journal of Plant Pathology*, 119(2), 203, 15. DOI:10.1007/s10658-007-9164-2.

Denancé N, Grimault V. 2022. Seed pathway for pest dissemination: the ISTA reference pest list, a bibliographic resource in non-vegetable crops, *EPPO Bulletin*, 52(2), 434-45. DOI:10.1111/epp.12834.

Escobar-Rodriguez C, Antonielli L, Mitter B, Trognitz F, Sessitsch A. Heritability and functional importance of the *Setaria viridis* bacterial seed microbiome, *Phytobiomes Journal*, 4, 40-52. DOI:10.1094/PBIOMES-04-19-0023-R.

Garin T, Brin C, Préveaux A, Brault A, Briand M, Simonin M, Barret M, Journet L, Sarniguet A. 2024. The type VI secretion system of *Stenotrophomonas rhizophila* CFBP13503 limits the transmission of *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* 8004 from radish seeds to seedlings, *Molecular Plant Pathology*, 25(1), e13412. DOI:10.1111/mpp.13412.

Goggin DE, Emery RJN, Kurepin LV, Powles SB. 2015. A potential role for endogenous microflora in dormancy release, cytokinin metabolism and the response to fluridone in *Lolium rigidum* seeds, *Annals of Botany*, 115(2), 293-301. DOI:10.1093/aob/mcu231.

Joubert O, Arnault G, Barret M, Simonin M. 2025. Sowing success: ecological insights into seedling microbial colonisation for robust plant microbiota engineering, *Trends in Plant Science*, 30(1), 21-34. DOI:10.1016/j.tplants.2024.09.004.

Klaedtke S, Jacques M-A, Raggi L, Préveaux A, Bonneau S, Negri V, Chable V, Barret M. 2016. Terroir is a key driver of seed-associated microbial assemblages, *Environmental Microbiology*, 18(6), 1792-1804. DOI:10.1111/1462-2920.12977.

Leprince O, Pellizzaro A, Berriri S, Buitink J. 2016. Late seed maturation: drying without dying, *Journal of Experimental Botany*, erw363. DOI:10.1093/jxb/erw363.

Matsumoto H, Fan X, Wang Y, Kusstatscher P, Duan J, Wu S, Chen S, Qiao K, Wang Y, Ma B, Zhu G; Hashidoko Y, Berg G, Cernava T, Wang M. 2021. Bacterial seed endophyte shapes disease resistance in rice, *Nature Plants*, 7(1), 60-72. DOI:10.1038/s41477-020-00826-5.

Maude RB. 1996. *Seedborne diseases and their control: principles and practice*, CAB International, Wallingford, UK.

Mitter B, Pfaffenbichler N, Flavell R, Compant S, Antonielli L, Petric A, Berninger T, Naveed M, Sheibani-Tezerji R, von Maltzahn F, Sessitsch A. 2017. A new approach to modify plant microbiomes and traits by introducing beneficial bacteria at flowering into progeny seeds, *Frontiers in Microbiology*, 8(11). DOI:10.3389/fmicb.2017.00011.

Nelson EB. 2004. Microbial dynamics and interactions in the spermosphere, *Annual Review of Phytopathology*, 42(1), 271-309. DOI:10.1146/annurev.phyto.42.121603.13104.1.

Pal G, Kumar K, Verma A, Verma SK. 2022. Seed inhabiting bacterial endophytes of maize promote seedling establishment and provide protection against fungal disease, *Microbiological Research*, 255, 126926. DOI:10.1016/j.micres.2021.126926.

Pérez-Jaramillo JE, De Hollander M, Ramírez CA, Mendes R, Raaijmakers JM, Carrión VJ. 2019. Deciphering rhizosphere microbiome assembly of wild and modern common bean (*Phaseolus vulgaris*) in native and agricultural soils from Colombia, *Microbiome*, 7(1), 114. DOI:10.1186/s40168-019-0727-1.

- Prado A, Marolleau B, Vaissière B, Barret M, Torres-Cortés G. 2020. Insect pollination: an ecological process involved in the assembly of the seed microbiota, *Scientific Reports*, 10 (1). [DOI:10.1038/s41598-020-60591-5](https://doi.org/10.1038/s41598-020-60591-5).
- Qin Y, Pan X, Yuan Z. 2016. Seed endophytic microbiota in a coastal plant and phytobeneficial properties of the fungus *Cladosporium cladosporioides*, *Fungal Ecology*, 24, 53-60. [DOI:10.1016/j.funeco.2016.08.011](https://doi.org/10.1016/j.funeco.2016.08.011).
- Ramalingam R, Khan AL, Lee I-J. 2013. Endophytic fungal pre-treatments of seeds alleviates salinity stress effects in soybean plants, *Journal of Microbiology*, 51(6), 850-57. [DOI:10.1007/s12275-013-3168-8](https://doi.org/10.1007/s12275-013-3168-8).
- Rechercher Data Gouv. 2021. Seed Microbiota Database, <https://entrepot.recherche.data.gouv.fr/dataset.xhtml?persistentId=doi:10.15454/2ANNJM> dernier accès 2025-08-06.
- Rétif F, Kunz C, Calabro K, Duval C, Prado S, Bailly C, Baudouin E. 2023. Seed fungal endophytes as biostimulants and biocontrol agents to improve seed performance, *Frontiers in Plant Science*, 14, 1260292. [DOI:10.3389/fpls.2023.1260292](https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1260292).
- Rezki S, Champion C, Simoneau P, Jacques M-A, Shade A, Barret M. 2018. Assembly of seed-associated microbial communities within and across successive plant generations, *Plant and Soil*, 422(1-2), 67-79. [DOI:10.1007/s11104-017-3451-2](https://doi.org/10.1007/s11104-017-3451-2).
- Ridout ME, Schroeder KL, Hunter SS, Styer J, Newcombe G. 2019. Priority effects of wheat seed endophytes on a rhizosphere symbiosis, *Symbiosis*, 78(1), 19-31. [DOI:10.1007/s13199-019-00606-6](https://doi.org/10.1007/s13199-019-00606-6).
- Robinson RJ, Fraaije BA, Clark IM, Jackson RW, Hirsch PH, Mauchline TH. 2016. Wheat seed embryo excision enables the creation of axenic seedlings and Koch's postulates testing of putative bacterial endophytes, *Scientific Reports*, 6(1), 25581. [DOI:10.1038/srep25581](https://doi.org/10.1038/srep25581).
- Rocheft A, Briand M, Marais C, Wagner M-H, Laperche A, Vallée P, Barret M, Sarniguet A. 2019. Influence of environment and host plant genotype on the structure and diversity of the *Brassica napus* seed microbiota, *Phytobiomes Journal*, 3 (4), 326-336. [DOI:10.1094/PBIOMES-06-19-0031-R](https://doi.org/10.1094/PBIOMES-06-19-0031-R).
- Simonin M, Barret M. 2021. Seed Microbiota Database, *Recherche Data Gouv*. [DOI:10.15454/2ANNJM](https://doi.org/10.15454/2ANNJM)
- Simonin M, Briand M, Chesneau G, Rocheft A, Marais C, Sarniguet, Barret M. 2022. Seed microbiota revealed by a large-scale meta-analysis including 50 plant species, *New Phytologist*, 234(4), 1448-63. [DOI:10.1111/nph.18037](https://doi.org/10.1111/nph.18037).
- Soldan R, Fusi M, Cardinale M, Homma F, Santos L-G, Wenzl P, Bach-Pages M, Bitocchi E, Chacon Sanchez MI, Daffonchio D, Preston GM. 2024. Consistent effects of independent domestication events on the plant microbiota, *Current Biology*, 34(3), 557-567. [DOI:10.1016/j.cub.2023.12.056](https://doi.org/10.1016/j.cub.2023.12.056).
- Torres-Cortés G, Bonneau S, Bouchez O, Genthon C, Briand M, Jacques MA, Barret M. 2018. Functional microbial features driving community assembly during seed germination and emergence, *Frontiers in Plant Science*, 9, 902. [DOI:10.3389/fpls.2018.00902](https://doi.org/10.3389/fpls.2018.00902).
- Trivedi P, Leach JE, Tringe SG, Sa T, Singh BJ. 2020. Plant-microbiome interactions: from community assembly to plant health, *Nature Reviews Microbiology*, 18(11), 607-21. [DOI:10.1038/s41579-020-0412-1](https://doi.org/10.1038/s41579-020-0412-1).
- Walsh CM, Becker-Uncapher I, Carlson M, Fierer N. 2021. Variable influences of soil and

seed-associated bacterial communities on the assembly of seedling microbiomes, *The ISME Journal*, 15(9), 2748-62. [DOI:10.1038/s41396-021-00967-1](https://doi.org/10.1038/s41396-021-00967-1).

Rubrique

Cet article a été publié dans la rubrique « Potentiel de la science pour une agriculture et une alimentation durables » des *Notes académiques de l'Académie d'agriculture de France*.

Edité par

Mylène Durand-Tardif, membre de l'Académie d'agriculture de France.

Rapporteurs

1. Thierry Candresse, directeur de recherche INRAE, directeur de la TGU « Biologie du Fruit et Pathologie Végétale à l'INRAE Villenave d'Ornon Bordeaux.
2. Nathalie Nesi est chargée de recherche INRAE à l'Institut de génétique, environnement et protection des plantes (Rennes).

Reçu

9 avril 2025

Accepté

5 juillet 2025

Publié

25 août 2025

Citation

Matthieu Barret. 2025. Le microbiote des semences : diversité, assemblage et transmission, *Notes Académiques de l'Académie d'agriculture de France / Academic Notes from the French Academy of Agriculture (N3AF)*, 20(1), 2, 1-12. <https://doi.org/10.58630/pubac.not.a451081>.



Matthieu Barret est directeur de recherche INRAE à l'Institut de recherche en agriculture et semences, à Angers.