

14èmes Journées Scientifiques et Techniques du Réseau des Microscopistes INRAE



VERSAILLES 2025

Voir plus grand dans l'infiniment petit

Du 5 au 7 novembre 2025

Centre INRAE Versailles-Saclay
Route de Saint-Cyr
Versailles

INRAe



Bienvenue aux 14^{ème} JST

Nous sommes ravis de vous accueillir à Versailles. Comme tous les ans, nous nous sommes inspirés de vos souhaits émis suite aux précédentes JST pour construire ces nouvelles journées.

Nous avons opté pour des présentations courtes de façon à avoir une grande diversité de techniques et de méthodologies. Ainsi, nous aborderons l'imagerie 2D, 3D, sur tissus fixés ou en vivant, sans marquage, chimique, super-résolue, électronique, en temps de vie de fluorescence et bien sûr nous aurons une session nous permettant d'exploiter toutes ces images avec différents types de démarches et tout cela en français.

Pour ces journées nous avons aussi voulu mettre en avant les ateliers en choisissant un format long. Nous vous en avons proposé un grand nombre dont deux tables rondes, une autour de la métrologie en microscopie et l'autre autour de la microscopie électronique et animée par nos trois orateurs de la session microscopie électronique. Par contre, nous vous avons demandé d'en prioriser quatre pour n'en avoir que deux. Nous espérons pouvoir respecter vos choix et que ce format vous plaira.

Reste les temps d'échanges que nous avons voulu longs et nombreux en commençant par la présentation de l'activité de notre réseau puis autours des posters, de l'exposition photo et des stands de nos partenaires privés. Ces journées peuvent avoir lieu grâce à nos partenaires institutionnels et privés que nous tenons à remercier pour leur soutien.

Le comité d'organisation

Table des matières

Programme	5
Ateliers	7
Communications.....	11
Imagerie de temps de vie de fluorescence (FLIM)	11
Live imaging - Bio senseurs	17
Imagerie électronique	23
Imagerie sans marquage	29
Apprentissage supervisé, IA et analyse d'image	35
Imagerie chimique.....	41
Posters.....	47
Posters recherche.....	47
Posters plateforme	70
Participants.....	77
Plan du site et des salles de conférences, ateliers et tables rondes	81

Nous remercions tous nos partenaires pour leur soutien !

Institutionnels :



> Pôle FTLV
se former tout au long de la vie



Nous remercions tout particulièrement les départements de recherche INRAE BAP, TRANSFORM, MICA, ECODIV, AgroEcoSystèmes, SantéAnimale, PHASE et au centre INRAE Versailles-Saclay qui ont contribué au financement de cet événement.

Pôle Formation Tout au Long de la Vie
Structure interne à INRAE

Commission Nationale des Outils Collectifs
Structure interne à INRAE

GIS IBISA Infrastructures de recherche en biologie, santé et agronomie

Site : <https://www.ibisa.net/>

Site : <https://imabio-cnrs.fr/>

Graduate School BioSphera
Biologie, Société, Écologie, Environnement, Ressources, Agriculture, Alimentation

Site : <https://www.universite-paris-saclay.fr/graduate-schools/graduate-school-biosphera>

Graduate School Life Sciences and Health

Site : <https://www.universite-paris-saclay.fr/graduate-schools/graduate-school-life-sciences-and-health>



14^{ème} Journées Scientifiques et Techniques du Réseau des Microscopistes INRAE -5-7 novembre 2025 – Versailles



Sponsors privés :



29 Quai des Gresillons,
92230 Gennevilliers Cedex
France

Site :
<https://www.cameca.com/>

Aurélien Thomen
aurelien.thomen@ametek.com

Stéphane Letheux
stephane.letheux@ametek.com

74, rue des Suisses
92000 Nanterre
France

Site :
<https://www.clinisciences.com/>

Loïc Jaffrelo
l.jaffrelo@clinisciences.com

4 rue Louis de Broglie
22300 Lannion
France

Site : <https://confocalnl.com/>

Bruno Volpe
bruno.volpe@idil.fr



1 Rue du 1er Mai
Immeuble Axe Sur Seine, Hall C2
CS 50169
92752 Nanterre Cedex
France

Site : <https://www.leica-microsystems.com>

Marion Dumanoir
marion.dumanoir@leica-microsystems.com

Clément Laigle
clement.laigle@leica-microsystems.com

Philippe Wurtz
philippe.wurtz@leica-microsystems.com



14^{ème} Journées Scientifiques et Techniques du Réseau des Microscopistes INRAE -5-7 novembre 2025 – Versailles



10, Rue des Frênes
69280 Saint Consorces
France

Site : <http://www.lfg-distribution.fr/ultra-microtomie/qui-sommes-nous>

191 Rue du Marché Rollay
94504 Champigny sur Marne
Cedex
France

Site :
<https://www.microscope.healthcare.nikon.com>

4 Rue Louis de Broglie
22300 Lannion
France

Site :
<https://www.oxxius.com/174 Quai de Jemmapes 75010 Paris, France>

Site : <https://telight.eu/>

Cité de la Photonique –
Bâtiment Sirah
11 avenue de Canteranne
33600 Pessac
France

Site :
<https://www.toptica.com/>

Leatitia Gilleron
lgilleron@lfg-distribution.fr

Frédéric Gilleron
fgilleron@lfg-distribution.fr

Frederique Eudeline
frederique.eudeline@nikon.com

Benoit Ferrandi
Benoit.Ferrandi@nikon.com

Clément Roque
croque@oxxius.com

Patrice Crochet
pcrochet@oxxius.com

Katia Gentaz
katia.gentaz@telight.eu

Caroline Peron Cane
caroline.peron.cane@telight.eu

Florestan Roume
florestan.roume@toptica-france.com





14^e Journées Scientifiques et Techniques du Réseau des Microscopistes INRAE -5-7 novembre 2025 – Versailles

Programme

Mercredi 5 novembre 2025 (après-midi)

12h00-13h30 **Accueil des participants – Remise des badges et paniers-repas**

13h30-13h45 Accueil du président de centre

13h45-14h05 Présentation de l'Institut Jean-Pierre Bourgin - Sciences du Végétal (IJPB) et de la Plateforme de cytologie/imagerie de l'Observatoire du végétal (OV)

14h05-15h25 **Imagerie de temps de vie de fluorescence (FLIM)**

Porteuse : Alice Vayssières

Durée de vie, imagerie de durée de vie de fluorescence et applications aux interactions protéines-protéines dans la membrane du réticulum endoplasmique : Marie Erard (Institut de Chimie Physique, Faculté des Sciences d'Orsay)

FLIM and Phasor : Application Examples : Julie Lesieur (Plate-Forme IMAG'IC, Institut Cochin)

Multiplexed In Vivo Imaging with Fluorescence Lifetime-Modulating Tags : France Lam (Sorbonne Université)

15h25-16h10 **Pause-café**

16h10-17h30 **Live imaging - Bio senseurs**

Porteuse : Laurence Cromer

Optimiser l'imagerie du vivant : tirer parti des derniers développements pour repousser les limites actuelles : Romain Le bars (Plateforme IMAGERIE-GIF, I2BC)

In Vivo Plant Biochemistry through Multiplexed FLIM Imaging : Kalina Haas (IJPB, INRAE Versailles)

Pleins feux sur l'entrée des rhizobia dans les racines des légumineuses : Joëlle Fournier (LIPME, INRAE Toulouse)

17h30-18h00 **Activités du réseau**

18h00-18h30 Session flash talks des sponsors et des posters (3min/flash talk)

18h30-21h30 **Session posters et buffet**

Jeudi 6 novembre 2025

8h45-10h05 **Imagerie électronique**

Porteur : Patrick Laufs

Introduction à l'imagerie électronique : Claire Boulogne (plateformes IMAGERIE-GIF, I2BC)

La microscopie électronique à balayage : de la topographie à l'imagerie 3D : Vlad Costache (Plate-forme MIMA2, INRAE Jouy-en-Josas)

Décoder l'architecture des cellules biologiques par l'intelligence artificielle et l'imagerie électronique : Clarisse Uwizeye (Laboratoire Physiologie Cellulaire & Végétale, CEA Grenoble)

10h05-10h50 **Pause-café**

10h50-12h10 **Imagerie sans marquage**

Porteuses : Katia Belcram et Samantha Vernhettes



Label-free *in vivo* imaging of the cardiovascular system in zebrafish embryos using multiphoton microscopy : Willy Supatto (Laboratoire d'optique et biosciences, Ecole polytechnique)

Imagerie sans marquage : Christophe Chamot (Plateforme de recherche en Imagerie Cellulaire de Normandie)

Validation d'une nouvelle technique de microscopie 3D et sans marquage pour l'étude des ovocytes et des embryons de mammifère : Amélie Bonnet-Garnier (INRAE Jouy-en-Josas)

12h10 [Résultats des concours poster et photo](#)

12h25-13h40 [Déjeuner](#)

13h40-15h10 Ateliers 1

15h10-15h55 [Pause-café](#)

15h55-17h25 Ateliers 2

18h15-19h30 [Sortie culturelle à l'académie équestre de Versailles](#)

20h-22h [Repas de gala](#)

Vendredi 7 novembre 2025 (matin)

8h30-9h50 [Apprentissage supervisé, IA et analyse d'image](#)

Porteuse : Sandrine Lefranc

Analyse bio-image à l'ère du deep learning : Ignacio Arganda (University of the Basque Country)

Séparation des canaux par Deep Learning pour la construction d'un Atlas 3D+Temps : Hajar Hakkoum (IJPB, INRAE Versailles)

Apprentissage profond pour localiser et identifier des molécules dans des images 3D de microscopie : Charles Kervrann (Inria Rennes, Institut Curie, Inserm-U1339, Université PSL)

9h50-10h30 [Retour des ateliers](#)

10h30-11h00 [Pause-café](#)

11h00-12h20 [Imagerie chimique](#)

Porteuse : Samantha Vernhettes

Plantes, chémobiologie et arts visuels : approches croisées pour révéler l'invisible : Marie Hinnebo et Christophe Biot (Université de Lille)

Le marquage métabolique : un outil pour l'étude de la biosynthèse et de la dynamique des polysaccharides pariétaux : Arnaud Lehner (Université de Rouen)

Mettre les agents pathogènes en lumière : Boris Vauzeilles (ICSN, Gif sur Yvette)

[12h30 Distribution des panier-repas, départ des participants](#)

14h00 Visite de la plateforme ou de l'IJPB pour les participants qui le souhaitent



Ateliers

Utilisation des modalités de temps de vie de fluorescence en microscopie confocale et super résolution STED

Le temps de vie de fluorescence est une propriété intrinsèque à chaque fluorophore ou molécule/protéine fluorescente. Ces dernières années, la démocratisation des systèmes d'imagerie en temps de vie de fluorescence (FLIM) a conduit à des avancées significatives, tant dans l'amélioration de la qualité de l'imagerie confocale et super-résolution que dans l'analyse des comportements moléculaires au sein de systèmes biologiques fonctionnels. Dans cet atelier, nous explorerons comment le FLIM peut être utilisé pour améliorer l'imagerie en super-résolution STED et pour mesurer les interactions entre molécules par FRET.

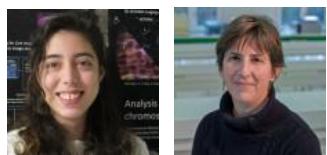


Animatrice : Alice Vayssières (Institut Jean-Pierre Bourgin - Sciences du Végétal (IJPB) ; Plateforme OV cytologie imagerie)

Localisation : bâtiment 14 salle 16

Initiez-vous à la microfluidique appliquées aux plantes !

Abordez l'observation *en live* d'échantillons vivants, en conditions contrôlées, à haute résolution (microscopie confocale) de quelques minutes à plusieurs heures. Vous manipulerez deux types de puces (PDMS et Ibidi®) et testerez deux systèmes de pressurisation (Fluigent® et pousse-seringue). Vous observerez, en temps réel, des signaux dynamiques (calcium, exocytose) dans le poil absorbant en croissance ainsi que des marqueurs de la division cellulaire dans la pointe racinaire d'*Arabidopsis*. »



Animatrices : Stéphanie Afonso et Bérengère Dalmais (Institut Jean-Pierre Bourgin - Sciences du Végétal (IJPB))

Localisation : bâtiment 14 salles 11 & 12

Microscopie d'expansion sur méiocytes d'*Arabidopsis thaliana*

Les techniques de microscopie d'expansion visent à « gonfler » physiquement un échantillon biologique afin de visualiser des structures cellulaires à haute résolution. A partir d'un échantillon d'origine végétale, les participants observeront les différentes étapes d'un protocole de microscopie d'expansion : préparation des échantillons, gélation, expansion et observation au microscope confocal LEICA SP8. L'objectif de cet atelier sera de passer en revue les différentes étapes d'un protocole de microscopie d'expansion, en mettant l'accent sur les adaptations à apporter selon le type d'échantillon biologique.



Animatrice : Laurence Cromer (Institut Jean-Pierre Bourgin - Sciences du Végétal (IJPB))

Localisation : bâtiment 14 salles 12 & 17



Approches ratiométriques utilisant un biocapteur de pH intracellulaire chez *Arabidopsis thaliana*

Dans cet atelier pratique, nous effectuerons des mesures ratiométriques du pH intracellulaire chez *Arabidopsis thaliana*. Les participants seront initiés aux techniques fondamentales de traitement des données d'imagerie brutes. Nous présenterons et discuterons également de scripts simples pour automatiser les calculs de routine, permettant une analyse efficace et reproductible de la dynamique du pH à l'intérieur des cellules végétales.

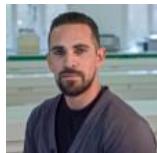


Animateurs : Samuel Laurent et Sivagamy Soundiramourty (Institut Jean-Pierre Bourgin - Sciences du Végétal (IJPB))

Localisation : bâtiment 14 salle 12

Tutorial de la micro dissection laser (LMD) pour les études de la biologie végétale

Ce workshop présentera un nouveau protocole de préparation de tissus végétaux optimisé pour la transcriptomique spatiale, incluant la LMD-RNA-seq et les technologies stRNA-seq de type Visium et Stereo-seq. Nous détaillerons les étapes clés de la préparation, de la récolte à la fixation et la découpe, en passant par l'optimisation de la conservation de l'ARN. Ces approches permettent une résolution spatio-temporelle fine de l'expression génique, ouvrant la voie à l'étude précise des processus biologiques complexes dans les plantes.



Animateurs : Nero Borrega et Clément Pichot (Institut Jean-Pierre Bourgin - Sciences du Végétal (IJPB))

Localisation : bâtiment 14 salles 8 & 9

Ciblage haut débit au microscope

Le ciblage haut débit permet d'imager de manière reproductible une grande quantité d'échantillons. Dans cet atelier, nous utiliserons les fonctions HCS (High Content Screening) du logiciel ZEN pour effectuer le phénotypage de plantules et de graines sur différents supports (plaques multipuits, boîtes de Petri, etc...) en macroscopie fond clair et fluorescence. Nous aborderons comment définir le type de support, le nombre d'images par puits, le chemin (linéaire, en serpent, etc...) et le format à utiliser.



Animatrices : Aurélie Dewaele et Johanne Thévenin (Institut Jean-Pierre Bourgin - Sciences du Végétal (IJPB))

Localisation : bâtiment 14 salle 10



Table ronde autour de la métrologie

Cet/cette atelier/table ronde sera l'occasion d'échanger ensemble autour des mesures, des protocoles, des outils et des actions mise en place au sein des structures des différents participants concernant la métrologie des équipements d'imagerie photonique garant de la reproductibilité et de la répétabilité des mesures.



Animateurs : Damien Schapman (HeRacLeS US51 UAR2026 PRIMACEN, Rouen, Co-coordonnateur du RTmfm), Elodie Jublanc (plateau d'imagerie MRI-DBS ; Dynamique Musculaire et Métabolisme, Montpellier), Aurélie Hurel (IJPB)

Localisation : bâtiment 14 salle TD

Table ronde autour de la microscopie électronique

Au cours de cette table ronde, nous aborderons plusieurs aspects de la microscopie électronique. Les développements récents en termes de microscopie 3D, les perspectives et les limitations seront abordées. Nous réfléchirons aussi sur le fait d'être éco-responsable et safe en microscopie électronique avec notamment l'utilisation de produits de remplacement ou l'adaptation des protocoles. La question de la métrologie des microscopes électroniques sera aussi discutée.



Animateurs : Claire Boulogne (plateformes IMAGERIE-GIF, I2BC), Vlad Costache (Plate-forme MIMA2, INRAE Jouy-en-Josas) et Clarisse Uwizeye (Laboratoire Physiologie Cellulaire & Végétale, CEA Grenoble).

Localisation : bâtiment 14 salle TD

Introduction à l'utilisation de BIP, une boîte à outils d'analyse d'images pour le traitement par lots reproductible d'images biologiques

Cet atelier présente **BIP**, un logiciel open-source conçu pour le traitement reproductible par lots d'images biologiques multi-dimensionnelles. BIP se distingue par une syntaxe simple et lisible, adaptée aux pipelines complexes et à l'utilisation en ligne de commande. Il s'intègre facilement dans des environnements de calcul haute performance et complète écosystème existant. Les participant·e·s apprendront à installer BIP sous Windows ou Linux et à s'en servir efficacement. Ils découvriront ses fonctionnalités à travers des cas concrets de traitement et d'analyse d'images. L'atelier couvre la création de pipelines, l'intégration avec d'autres outils (Fiji, R, etc.) et l'accès à la documentation. Une connaissance de base en traitement d'images est requise, ainsi qu'un ordinateur avec ImageJ/Fiji (ou Napari). La connexion internet est recommandée, mais une installation préalable pourra être faite sur instruction.



Animateurs : Philippe Andrey, Eric Biot et Sandrine Lefranc (Institut Jean-Pierre Bourgin - Sciences du Végétal (IJPB) ; équipe MIN)

Localisation : bâtiment 1 bibliothèque phyto-physio



Impression 3D/pépinière numérique

Dans cet atelier, au sein de la pépinière numérique du site de Versailles, nous discuterons des différents outils actuellement disponibles pour les plateformes/laboratoires de microscopie, autour de 3 grands axes : prototypage, retro ingénierie et représentation du vivant. La discussion se fera sur la base d'exemples concrets ou de souhaits/ idées des participants. L'objectif de l'atelier est de connaître ce qui est possible de faire pour nos activités, d'en discuter avec d'autres agents et de constituer un petit réseau de personnes ayant ces affinités pour des échanges de modèles 3D de pièces ou prototypes, de technologies ou d'idées.

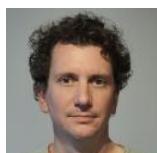


Animateur : Bertrand Dubreucq (Institut Jean-Pierre Bourgin - Sciences du Végétal (IJPB) ; Plateforme OV cytologie imagerie)

Localisation : bâtiment 12 pépinière numérique

MesoSPIM

Au cours de la dernière décennie, les avancées en microscopie à feuille de lumière et en méthodes de clarification des tissus ont révolutionné l'imagerie 3D des échantillons biologiques. Le projet mesoSPIM, une initiative open-source, propose un système d'imagerie puissant et économique, capable de visualiser des échantillons clarifiés de grande taille avec une résolution uniforme sur l'ensemble du champ d'observation. L'atelier présentera le fonctionnement du mesoSPIM. Ses performances et sa polyvalence seront discutées par l'acquisition d'échantillons clarifiés de plusieurs centimètres.



Animateurs : Maxence Frétaud et Christelle Langevin (Plateforme Emerg'in-IERP ; INRAE Jouy-en-Josas)

Localisation : bâtiment 14 salle 7

Gestion des données et analyse par deep learning

Dans le contexte des plans de gestion des données, de la production exponentielle des données de recherche, ainsi que des enjeux de souveraineté des données de recherche et de leur traitement par l'intelligence artificielle, nous proposons un atelier centré sur le logiciel open source OpenCID. Ce logiciel est capable de gérer des données omiques, d'imagerie photonique et électronique via une simple interface web. En parallèle de la sauvegarde et de l'archivage des données de recherche, OpenCID peut lancer des traitements de segmentation par deep learning, tels que CellPose, QuPath ou Ilastik.



Animateur : Pierre Bourdoncle (Plate-Forme IMAG'IC ; Institut Cochin)

Localisation : bâtiment 14 salle de TP



Communications

Imagerie de temps de vie de fluorescence (FLIM)

Durée de vie, imagerie de durée de vie de fluorescence et applications aux interactions protéines-protéines dans la membrane du réticulum endoplasmique.

Dounia Zamiati¹, Mouna Abdesselem¹, Oliver Nüsse¹ et Marie Erard^{1*}

¹ : Université Paris-Saclay, CNRS, Institut de Chimie Physique, UMR CNRS 8000, 91405, Orsay
marie.erard@univversite-paris-saclay.fr

Avec le coefficient d'extinction molaire et le rendement quantique, le temps de vie de fluorescence est un paramètre caractéristique des fluorophores.[1] Il correspond au temps moyen qu'une molécule passe dans son état électronique excité avant de revenir à l'état fondamental en émettant un photon de fluorescence. Contrairement à l'intensité de fluorescence, le temps de vie de fluorescence est indépendant de la concentration du fluorophore, mais il est fortement sensible au microenvironnement local (pH, polarité, viscosité, agents d'extinction, transferts d'énergie, etc.). Il peut être mesuré par microscopie de durée de vie de fluorescence (FLIM), qui permet la cartographie spatiale de l'environnement du fluorophore ainsi que le suivi en temps réel de processus dynamiques au sein des cellules ou des tissus.[2] L'intégration de la détection FLIM et d'analyses rapides des temps de vie dans les microscopes confocaux commerciaux contribue aujourd'hui à démocratiser son utilisation. Dans la première partie de cet exposé, je présenterai la notion de durée de vie et le principe des dispositifs qui permettent sa mesure notamment en microscopie FLIM.

La seconde partie de mon exposé sera consacrée à l'illustration de l'utilisation du FLIM pour l'étude de l'organisation des protéines du réticulum endoplasmique impliquées dans les sites de contact avec la membrane plasmique, appartenant aux familles VAP, ESYT et ORP.[3] Cette étude a été réalisée grâce au transfert d'énergie par résonance de Förster (FRET) entre des protéines fusionnées à des protéines fluorescentes (FP), détecté par microscopie FLIM. Nos analyses quantitatives montrent que toutes les protéines testées interagissent au sein de leur famille respective et que ces interactions sont abolies par certaines mutations ou délétions de domaines, en particulier dans le cas d'ORP5 et ORP8. Par ailleurs, nous démontrons que le FRET-FLIM permet également de détecter des changements conformationnels intramoléculaires en réponse à des variations de l'environnement cellulaire, comme observé pour ESYT lors de fluctuations de la concentration intracellulaire en Ca²⁺.

Références :

- [1] Bernard Valeur, Mário Nuno Berberan-Santos (**2012**) Molecular Fluorescence: Principles and Applications. Second Edition, Wiley-VCH, 2012. ISBN 978-3-527-32846-8
- [2] Rupsa Datta, Tiffany M. Heaster, Joe T. Sharick, Amani A. Gillette, Melissa C. Skala (**2020**), Journal of Biomedical Optics, (25) 7, 071203
- [3] Dounia Zamiati, Mouna Abdesselem, Oliver Nüsse and Marie Erard (**2025**) submitted





Marie Erard est professeure de chimie physique à l'Université Paris-Saclay. Ses travaux de recherche portent sur le développement de méthodes analytiques innovantes, basées sur la spectro-imagerie de fluorescence, visant à explorer le fonctionnement des cellules à l'échelle moléculaire. Elle conçoit et optimise des biosenseurs adaptés, et met en place des stratégies d'imagerie avancée. En particulier, elle utilise la microscopie de durée de vie de fluorescence (FLIM) pour détecter le phénomène de transfert d'énergie par résonance de type Förster (FRET), afin de sonder l'organisation tridimensionnelle des protéines et leurs interactions.

FLIM and Phasor: Application Examples

Julie Lesieur^{1*}, Sonia Pfister² Hélène Le Buanec³, Mayeul Collot², Pierre Bourdoncle¹

¹ : Institut Cochin Inserm U1016 - CNRS UMR8104 - Université de Paris, F-75014 Paris, France ; ² : Laboratoire de Chémo-Biologie Synthétique et Thérapeutique (CBST) UMR 7199, CNRS, Université de Strasbourg, F-67400 Illkirch, France ;

³ : INSERM U976-HIPI Hôpital Saint Louis, 1 Avenue Claude Vellefaux, 75010 Paris, France

Julie.lesieur@inserm.fr

Fluorescence lifetime imaging microscopy (FLIM) is a reliable method for visualizing biological samples by measuring fluorescence decay times rather than just intensity. Due to its unique temporal dimension, FLIM provides complementary information to conventional intensity-based microscopy, revealing contrasts that are invisible in classical imaging. Among the approaches for analyzing FLIM data, the phasor analysis (PA) method^[1] stands out for its ability to directly convert lifetime signals into graphical representations without complex fitting. This approach is faster than traditional methods and enables immediate, intuitive visualization of lifetime distributions within samples.

The use of fluorescent probes with distinct lifetimes, combined with phasor analysis, facilitates segmentation and cluster analysis of FLIM images. This synergy not only allows for the discrimination of regions of interest but also enables the prediction of specific biological states^[2] or functions, paving the way for diagnostic or functional applications. The regions of interest, identified through phasor plot representation, provide quantitative information often hidden in classical intensity-based approaches. Thus, the combination of FLIM and phasor analysis constitutes a powerful tool for the quantitative and functional exploration of biological systems, with significant potential for biomedical research and biomarker development.

Références :

[1] Li D, Liu X, Dong F, Li W, **2025**. *J Mater Chem B*. 13(2):472-484.

[2] Pfister S, Lesieur J, Bourdoncle P, Elhassan M, Didier P, Anton N, Anton H, Collot M. **2024**. *Anal Chem*. 6;96(31):12784-12793.



Après avoir acquis une expertise de dix ans en histologie des tissus minéralisés, **Julie Lesieur** a intégré l'équipe de la plateforme de microscopie photonique IMAGIC de l'Institut Cochin à Paris. Au sein de cette structure, elle pilote le développement de techniques de super-résolution et l'application d'outils avancés comme le FLIM.



14^e Journées Scientifiques et Techniques du Réseau des Microscopistes INRAE -5-7 novembre 2025 – Versailles

Multiplexed In Vivo Imaging with Fluorescence Lifetime-Modulating Tags

Lina El Hajji¹, France Lam², Maria Avtodeeva¹, Hela Benaissa¹, Christine Rampon^{1,3}, Michel Volovitch¹, Sophie Vriz^{1,3}, Arnaud Gautier^{1,4}

¹ : Sorbonne Université, École Normale Supérieure, Université PSL, CNRS, Laboratoire des Biomolécules, LBM, Paris, 75005, France ;

² : Institut de Biologie Paris Seine, plateforme imagerie photonique I2PS (FR3631), Sorbonne Université, CNRS, Paris, 75005, France ;

³ : Université Paris Cité, Paris, 75006, France.

⁴ : Institut Universitaire de France, Paris, 75006, France.

france.lam@sorbonne-universite.fr / lina.el_hajji@sorbonne-universite.fr

Fluorescence lifetime imaging microscopy (FLIM) opens new dimensions for highly multiplexed imaging in live cells and organisms using differences in fluorescence lifetime to distinguish spectrally identical fluorescent probes. Here, a set of fluorescence-activating and absorption-shifting tags (FASTs) capable of modulating the fluorescence lifetime of embedded fluorogenic 4-hydroxybenzylidene rhodanine (HBR) derivatives is described. It is shown that changes in the FAST protein sequence can vary the local environment of the chromophore and lead to significant changes in fluorescence lifetime. These fluorescence lifetime-modulating tags enable multiplexed imaging of up to three targets in one spectral channel using a single HBR derivative in live cells and live zebrafish larvae. The combination of fluorescence lifetime multiplexing with spectral multiplexing allows to successfully image six targets in live cells, opening great prospects for multicolor fluorescence lifetime multiplexing.

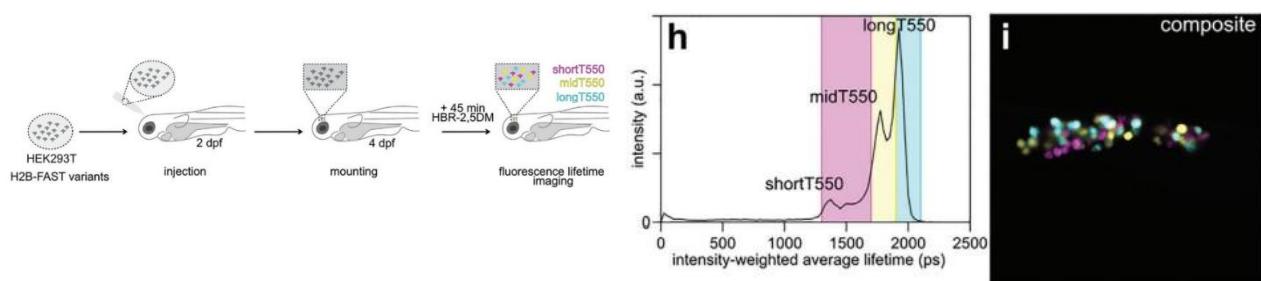


Figure 1 : FLIM multiplexing in live zebrafish larvae

Références :Adv Sci (Weinh). 2024 Aug;11(32):e2404354. doi: 10.1002/advs.202404354. Epub 2024 Jun 20.



France LAM est responsable de la plateforme d'imagerie et de cytométrie en flux I2PS à l'Institut de Biologie Paris Seine

Lina EL HAJJI est post doctorante Sorbonne Université, École Normale Supérieure, Université PSL, CNRS, Laboratoire des Biomolécules



14^e Journées Scientifiques et Techniques du Réseau des Microscopistes INRAE -5-7 novembre 2025 – Versailles

Live imaging - Bio senseurs

Optimiser l'imagerie du vivant : tirer parti des derniers développements pour repousser les limites actuelles

Romain LE BARS, PhD - Ingénieur de Recherche @ Imagerie-Gif

Plateforme de Microscopie Photonique / Light Microscopy Facility

Université Paris-Saclay, CEA, CNRS, Institute for Integrative Biology of the Cell (I2BC)

91198, Gif-sur-Yvette, France

romain.lebars@i2bc.paris-saclay.fr

L'imagerie dynamique du vivant est un outil formidable qui permet de capter un très grand nombre d'informations (échanges, interactions, divisions, migrations, etc.) afin de comprendre le fonctionnement des organismes ou des cellules. Cependant, cette technique nécessite de travailler dans des conditions difficiles (faibles signaux, phototoxicité impactante) et est complexe à mettre en œuvre sans générer d'artefacts. Les nombreuses innovations dans les domaines de la chimie et de l'instrumentation, ainsi que l'apport de l'intelligence artificielle, sont des avancées considérables dans ce domaine et permettront de repousser les limites techniques et d'ouvrir la voie à de nouvelles applications.



Romain Le bars (Plateforme IMAGERIE-GIF, I2BC)



14^e Journées Scientifiques et Techniques du Réseau des Microscopistes INRAE -5-7 novembre 2025 – Versailles

Zooming Into Plant Growth: Decoding Cell Wall Dynamics with rapidFLIM and optogenetics

Kalina T. Haas,

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

kalina.haas@inrae.fr

Understanding biophysics underlying growth is a major frontier in plant biology. At the subcellular level, plant growth is driven by cell wall expansion, which requires dynamic modifications in the chemistry and architecture of extracellular matrix polymer network. Tip-growing root hairs exhibit rapid (~25 s) oscillatory growth accompanied by periodic fluctuations in intra- and extracellular pH, Ca^{2+} , and reactive oxygen species (ROS). We hypothesised that fluctuations in cell wall pH drive the activity of different cell wall-modifying enzymes involved in growth. However, measuring cell wall-localised fluorescence sensors and reporters is extremely challenging due to the low pH (pH 4–5.5) and highly oxidative environment.

In this presentation, I will demonstrate how real-time interrogation of cell wall pH and viscosity, using optogenetics in combination with rapidFLIM and high-speed time-lapse imaging, enhances our understanding of the mechanisms that coordinate cell wall expansion. I will also discuss the development of cell wall localised FLIM based sensors and present 5D FLIM data analysis pipeline based on multidimensional phasors approach.



Kalina T. Haas specializes in advanced bioimaging to bridge spatio-temporal barriers in understanding biological processes. She graduated with a degree in physics from the University of Warsaw in 2010, followed by a PhD in Neuroscience from the Interdisciplinary Institute for Neuroscience, University of Bordeaux, in 2013. Her doctoral research focused on nanoscale synaptic organization and the dynamics of AMPA receptors. From 2014 she pursued postdoctoral research at the Hutchison Cancer Unit, University of Cambridge, investigating DNA repair and cell fate decisions. In 2020, she started a tenure-track position at INRAE Versailles, obtained tenure in 2021, and since 2025 is heading phyWall team at IJPB. In 2021 she was awarded an ERC Starting Grant for the project STORMtheWALL, which aims to uncover key changes in cell wall architecture and chemistry during growth and to understand how cells perceive and coordinate wall remodeling.



14^e Journées Scientifiques et Techniques du Réseau des Microscopistes INRAE -5-7 novembre 2025 – Versailles

Pleins feux sur l'entrée des rhizobia dans les racines des légumineuses

Joëlle Fournier¹,

¹ : Laboratoire des Interactions Plantes - Microbes - Environnement, INRAE, CNRS, Université de Toulouse, Castanet-Tolosan, France

joelle.fournier@inrae.fr

Les légumineuses établissent une relation symbiotique fixatrice d'azote avec des bactéries du sol, appelées rhizobia, qu'elles hébergent dans des nodules racinaires, où elles deviennent capables de fixer l'azote atmosphérique au profit de l'hôte. Chez la légumineuse *Medicago truncatula*, les bactéries de la rhizosphère atteignent les tissus des nodules en développement via des structures tubulaires d'origine végétale appelées cordons d'infection. Ces cordons d'infection se forment initialement dans un petit nombre de poils racinaires de l'hôte, dans lesquels ils s'allongent progressivement de manière polaire, puis progressent vers les couches cellulaires suivantes de la racine. Ce processus complexe nécessite une coordination étroite entre la plante hôte et les bactéries entrantes, ainsi qu'entre les différents tissus racinaires.

Comme très peu de cellules sont colonisées par les rhizobia aux stades précoce, obtenir des informations sur la dynamique des mécanismes cellulaires végétaux associés à la formation et la progression des cordons d'infection a nécessité le développement d'une approche de microscopie confocale *in vivo* dédiée. L'utilisation d'un senseur de concentration nucléaire de calcium et/ou de diverses fusions fluorescentes avec des protéines symbiotiques localisées dans le cytoplasme de l'hôte ou dans le compartiment apoplastique du cordon d'infection sera illustrée et discutée.



Joëlle Fournier étudie les légumineuses qui développent une endosymbiose racinaire fixatrice d'azote avec des bactéries du sol appelées rhizobia. Ses travaux ont pour objectif l'étude de mécanismes de signalisation et de reprogrammation cellulaire qui sous-tendent les étapes initiales de l'accueil des bactéries par l'hôte végétal, notamment par l'utilisation de protéines et rapporteurs fluorescents et d'approches de microscopie confocale *in vivo*.



14^e Journées Scientifiques et Techniques du Réseau des Microscopistes INRAE -5-7 novembre 2025 – Versailles

Imagerie électronique

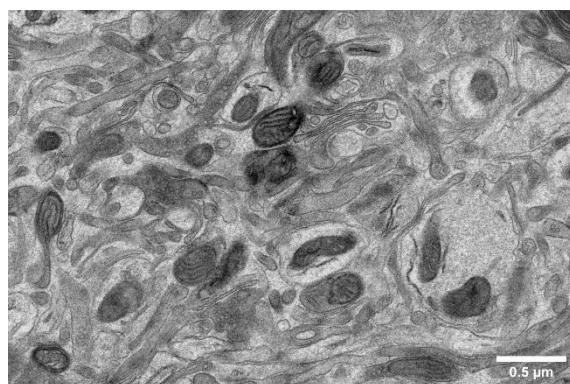
Introduction à l'imagerie électronique

Claire Boulogne¹

¹ : Université Paris-Saclay, CEA, CNRS, Institute for Integrative Biology of the Cell, Gif-sur-Yvette, Île-de-France, France

claire.boulogne@i2bc.paris-saclay.fr

Microscopy is a key tool to explore biological sample. Among all techniques of microscopy, electron microscopy is one the more polyvalent and resolute. Even after the emergence of GFP that make explode the interest for fluorescence microscopy in living cells, electron microscopy is still mandatory to identify structures *in situ* at the nanometer scale. In this talk, modalities of imaging biological samples with electron will be described, with a specific highlight on the sample preparation constraint to observe inside of the cell. The advanced strategies (immunolabeling, correlative microscopy) to identify structures will be detailed. Finally, the most recent developments to facilitate sample localisation and automatisation will be described.



Coupe de cerveau de souris inclus en résine et imagée au microscope électronique en transmission (préparation : cryo-fixation sous haute pression, cryo-substitution et inclusion en résine epoxy)



Claire Boulogne fait de la microscopie électronique, en utilisant toutes les techniques de préparation d'échantillon pour l'observation à température ambiante. Elle est spécialisée dans la caractérisation des compartiments endomembranaires chez les cellules eucaryotes, végétales et animales. Depuis quelques années, elle développe des protocoles d'acquisition 3D par FIB-SEM et array tomography.



14^e Journées Scientifiques et Techniques du Réseau des Microscopistes INRAE -5-7 novembre 2025 – Versailles

La microscopie électronique à balayage : de la topographie à l'imagerie 3D

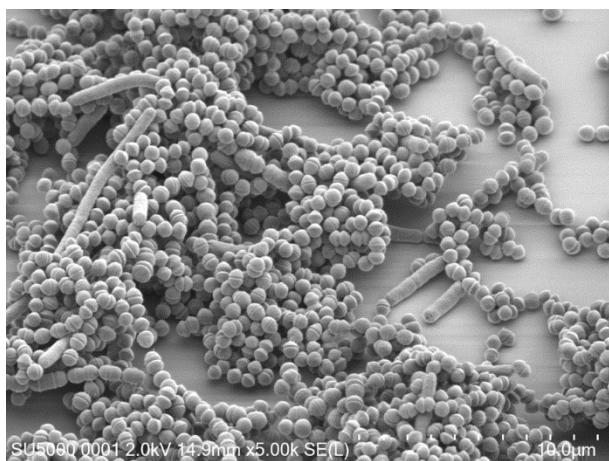
Vlad Costache¹

¹: ISC MIMA2, Unité Micalis, INRAE, Jouy-en-Josas, France

vlad.costache@inrae.fr

La microscopie électronique à balayage (MEB) permet la visualisation d'échantillons biologiques et des matériaux à différentes échelles, jusqu'à la haute-résolution (1nm). La technologie du MEB est aujourd'hui déclinée en plusieurs approches qui inclut l'imagerie en pression contrôlée sur des échantillons hydratés ou encore l'imagerie 3D par array tomography ou abrasion de blocks.

Les différentes possibilités, les limites et quelques applications en biologie cellulaire et microbiologie seront présentés.



De formation biologiste, **Vlad Costache** s'est spécialisé pendant sa thèse et ses postdocs en biologie cellulaire, biochimie et biophysique, en utilisant plusieurs modèles allant des invertébrés marins (oursin, ascidie) au nématode *C. elegans* et jusqu'au microorganismes (*Bacillus subtilis*), afin d'étudier la morphogenèse et la dynamique du cytosquelette. Depuis 2021, il est ingénieur de recherche INRAE et responsable opérationnel de la plateforme MIMA2, à Jouy-en-Josas. Il est impliqué dans des projets de microscopie électronique et aussi photonique, entre autres en biologie cellulaire des microorganismes, ou encore pour comprendre l'organisation spatiale de tapis microbiens naturels.



14^e Journées Scientifiques et Techniques du Réseau des Microscopistes INRAE -5-7 novembre 2025 – Versailles

Décoder l'architecture des cellules biologiques par l'intelligence artificielle et l'imagerie électronique

C. Uwizeye¹, S. Flori², P-H Jouneau³, B. Gallet⁴, A. Pascal¹, G. Finazzi¹

¹:LPCV/ Univ. Grenoble Alpes / CEA / CNRS / INRAE, France ;

² : European Molecular Biology Laboratory/ Heidelberg/ Germany ;

³ :INAC - MEM / Univ. Grenoble Alpes / CEA, France ;

⁴ : IBS / Univ. Grenoble Alpes / CEA / CNRS/ Grenoble / France

clarisse.uwizeye@cea.fr

La forme, la taille et l'architecture interne des microalgues et des diatomées sont des indicateurs clés pour comprendre leurs réponses aux changements environnementaux. Les avancées récentes en imagerie 3D, notamment grâce à la microscopie électronique à balayage par faisceau d'ions focalisés (FIB-SEM), offrent la possibilité de reconstruire des modèles 3D détaillés de ces cellules. Cependant, transformer ces images en données exploitables demeure un processus lent et exigeant, nécessitant un important travail de labellisation manuelle pour entraîner les modèles informatiques. Dans cette étude, nous avons développé une approche basée sur l'apprentissage par transfert, permettant aux modèles de réutiliser les connaissances acquises lors de tâches antérieures. Cela réduit la dépendance vis-à-vis de grands ensembles de données annotées. Nous avons testé différentes architectures de réseaux neuronaux avancés et exploré des combinaisons originales afin d'optimiser la précision des résultats. Nos travaux démontrent que cette approche permet non seulement d'accélérer le traitement des données, mais aussi d'en améliorer la qualité, même en présence d'un nombre limité d'exemples correctement annotés. Cette nouvelle méthodologie simplifie l'analyse automatisée des images cellulaires en 3D et ouvre la voie à une compréhension plus fine de l'architecture cellulaire, tout en réduisant l'effort manuel et le risque d'erreurs humaines.

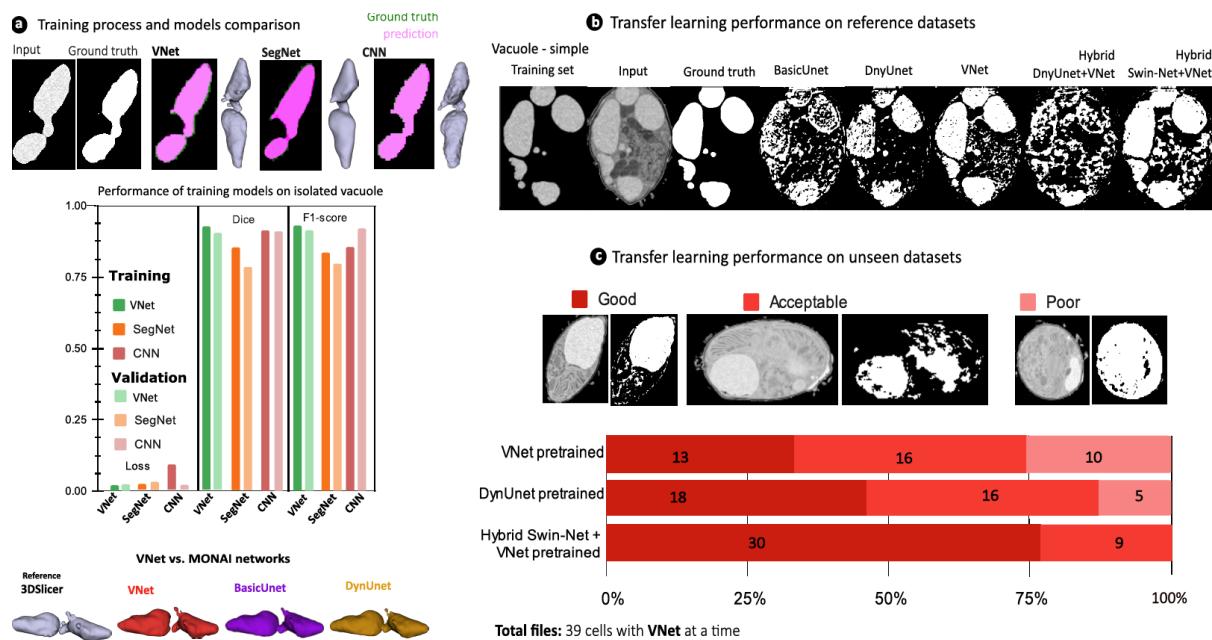


Figure 1 : Figure : performance du transfert d'apprentissage pour la segmentation des vacuoles.

(a) Comparaison des modèles VNet, SegNet et CNN sur une vacuole isolée : visualisation des prédictions et performance d'entraînement/validation (Dice, F1-score, perte). (b) Résultats du transfert d'apprentissage sur des jeux de données de référence : comparaison des performances des modèles BasicUNet, DynUNet, VNet, et des modèles hybrides (DynUNet+VNet, Swin-Net+VNet). (c) Évaluation sur des jeux de données non vus :

répartition des résultats en trois catégories (bons, acceptables, mauvais) pour chaque modèle pré-entraîné. Le modèle hybride Swin-Net + VNet obtient les meilleures performances globales, avec 77 % de segmentations jugées bonnes.



Jeune chargée de recherche en imagerie quantitative multi échelle, **Clarisse Uwizeye** s'intéresse à l'analyse mathématique des cellules biologiques. Elle étudie leur architecture en 3D et 4D. Son travail porte sur la réponse des cellules à différents types de stress (lumière, carences en nutriments, sécheresse), ainsi que sur leur fonctionnement, de l'organite à la protéine. Elle utilise l'apprentissage automatique pour automatiser l'analyse et révéler de nouvelles informations. À l'interface de la biologie, de la physique et des mathématiques, elle cherche à repousser les limites de l'analyse des données biologiques.

Imagerie sans marquage

Label-free *in vivo* imaging of the cardiovascular system in zebrafish embryos using multiphoton microscopy

Willy Supatto

Ecole polytechnique, CNRS, INSERM, Institut Polytechnique de Paris

willy.supatto@polytechnique.edu

Multiphoton microscopy has demonstrated unique advantages for imaging the cardiovascular system in live embryos, including deep imaging and the ability to combine two- or three-photon excited fluorescence with label-free contrast mechanisms, such as second- or third-harmonic generation (SHG and THG). However, acquisition speed is often a critical limitation for multiscale imaging or the investigation of fast biological processes, such as heart dynamics and blood flow. Additionally, deeper imaging and optimizing the use of label-free contrast mechanisms remain challenging. We will present strategies we have developed in recent years to overcome these limitations, with a specific focus on label-free approaches. First, we will demonstrate how to capture the cardiac dynamics in a live embryo at the millisecond timescale using a computational imaging strategy. It has been applied to record SHG signal dynamics from cardiac muscles *in vivo*. In parallel, we have developed three-photon microscopy to improve the imaging depth inside embryonic tissues. Recently, we introduced a new label-free contrast modality that can be combined with three-photon excited fluorescence and is based on color third-order sum frequency generation (color TSFG). We will show how this modality provides a specific signal from red blood cells in live zebrafish embryos, making it a promising tool for functional imaging by probing oxygenation states. Together, these advances open up new possibilities for studying the cardiovascular system *in vivo* with multiphoton microscopy.



W. Supatto is a CNRS Research Director at the Lab for Optics & Biosciences (LOB) at Ecole Polytechnique (Palaiseau, France). After a Ph.D. in Biophysics at Institut Curie in 2005, he joined the Biological Imaging Center at the California Institute of Technology (Caltech, Pasadena, USA) to pursue postdoctoral studies with Pr. S.E. Fraser. Since 2011 at LOB, he investigates embryonic development using quantitative imaging. He developed multiphoton microscopy, optical manipulation and image analysis to study symmetry breaking, collective cell migration and cardiovascular system *in vivo*.



14^e Journées Scientifiques et Techniques du Réseau des Microscopistes INRAE -5-7 novembre 2025 – Versailles

Imagerie sans marquage

Christophe CHAMOT¹

¹ : HeRacLeS, Inserm US 51, CNRS UAR 2026, Université de Rouen, France

christophe.chamot@univ-rouen.fr

Le problème, lorsque l'on marque un échantillon en fluorescence, est que l'on touche plusieurs limites : altération des échantillons, phototoxicité, photoblanchiment, limites de multiplexage.

L'imagerie sans marquage est donc une solution pour préserver l'intégrité de l'échantillon et suivre des processus dynamiques *in vivo*.

Nous allons discuter des principes et applications des techniques clés d'imagerie sans marquage.

On peut faire un parallèle entre l'analyse d'images et l'acquisition en microscopie : si les traitements à base d'intelligence artificielle ont le vent en poupe, il ne faut jamais oublier l'analyse d'images classique, plus économique et souvent plus rapide. Les techniques de pointe en microscopie sont là mais ne doivent pas faire oublier l'imagerie sans marquage.

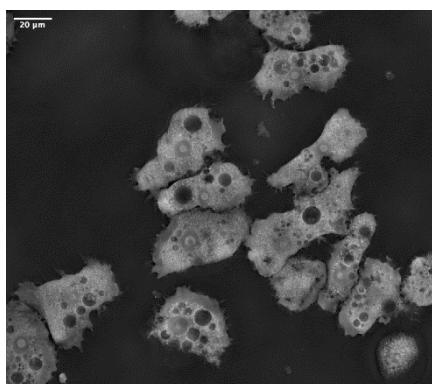


Figure 1 : Image d'amibe en phase quantitative (Tomocube HT-X1™)



Depuis 25 ans, dans le milieu académique ou industriel mais essentiellement sur plate-forme scientifique, **Christophe Chamot** se spécialise dans les techniques d'imagerie, principalement de fluorescence, et l'analyse d'images. Il a travaillé à l'institut Jacques Monod à Paris, puis a pris la direction de la plate-forme de microscopie à l'ENS à Lyon jusqu'en 2018. Ces sept dernières années, il a travaillé dans une école d'ingénieurs agronomes pour concevoir des outils (hydroponie, aquaponie, imagerie hyperspectrale, rhizotrons, etc.) avant de revenir en plate-forme d'imagerie à Rouen où il a développé la microscopie à feuille de lumière et l'analyse d'images avancée, en particulier les traitements en IA.



14^e Journées Scientifiques et Techniques du Réseau des Microscopistes INRAE -5-7 novembre 2025 – Versailles

Validation d'une nouvelle technique de microscopie 3D et sans marquage pour l'étude des ovocytes et des embryons de mammifère

E. Giraudat¹, V. Barolle², F. Bureau², N. Guigui^{1,2}, P. Balondrade^{1,2}, Adrien Bachmeyer², M. Letheule^{3,4}, O. Dubois^{3,4}, S. Jean Rene^{3,4}, C. Burette^{3,4}, A. Badji Brocart^{3,4}, M. Simion^{3,4}, A. Aubry^{1,2}, A. Bonnet Garnier^{3,4}

¹ PSL University, ESPCI, CNRS, Institut Langevin, France ; ²OWLO, France ; ³Université Paris-Saclay, UVSQ, INRAE, BREED, Jouy-en-Josas, France ; ⁴Ecole Nationale Vétérinaire d'Alfort, BREED, Maisons-Alfort, France
amelie.bonnet-garnier@inrae.fr

Les biotechnologies de la reproduction sont utilisées aussi bien en procréation médicalement assistée (PMA) humaine que pour augmenter la diffusion du progrès génétique en élevage, notamment bovin. La production *in vitro* d'embryons nécessite chez le bovin une étape de maturation *in vitro* des ovocytes suivie de l'étape de fécondation *in vitro* (FIV). Au cours de ces étapes, les biologistes ont besoin de pouvoir vérifier la qualité des ovocytes avant de les utiliser pour la FIV et d'évaluer la qualité des embryons jusqu'au stade blastocyste afin de choisir le meilleur embryon pour le transfert en femelle receveuse. Jusqu'à présent, afin de minimiser l'impact négatif, cette estimation de la qualité est effectuée en lumière blanche sous un microscope conventionnel ou grâce à des films réalisés dans un incubateur équipé d'une caméra. Or cette visualisation en 2 dimensions ne permet pas de déterminer l'état de maturité des ovocytes entourés de cellules du cumulus, ni de déterminer la qualité des embryons de faon quantifiable et robuste. Notre étude porte sur l'utilisation d'une nouvelle modalité d'imagerie développée par la startup OWLO et capable de produire des images en 3 dimensions de manière non invasive et sans nécessiter un scan de l'échantillon en profondeur, en utilisant une source de lumière infrarouge de faible énergie. Nous présentons la possibilité de déterminer l'état de maturation des ovocytes bovins avec leurs cellules du cumulus à partir d'images réalisées avec le prototype OWLO ainsi que des premières images d'embryons (souris et bovin) à différents stades. Afin de valider les structures/molécules reconnues par le prototype (projections trans-zonales, lipides, noyaux), nous avons effectué des images des mêmes objets (ovocytes ou embryons) après marquage spécifique soit au microscope confocal soit avec un microscope à feuille de lumière.

Remerciement : ISC MIMA2 MIMA2 Imaging Core Facility, Microscopie et Imagerie des Microorganismes, Animaux et Aliments, INRAE, Jouy-en-Josas, doi.org/10.15454/1.5572348210007727E12



Titulaire d'un doctorat du MNHN sur les anomalies chromosomiques et leurs conséquences pour la reproduction d'espèces menacées de mammifères, **Amelie Bonnet-Garnier** a d'abord effectué des recherches à l'ENV de Toulouse sur la qualité des gamètes (spz et ovocytes) jusqu'en 2010. Depuis, elle travaille dans l'unité BREED (Biologie de la Reproduction, Environnement, Epigénétique et Développement) sur les liens entre modifications épigénétiques, organisation de la chromatine et succès des événements clés du développement embryonnaire précoce de mammifère.



14^e Journées Scientifiques et Techniques du Réseau des Microscopistes INRAE -5-7 novembre 2025 – Versailles

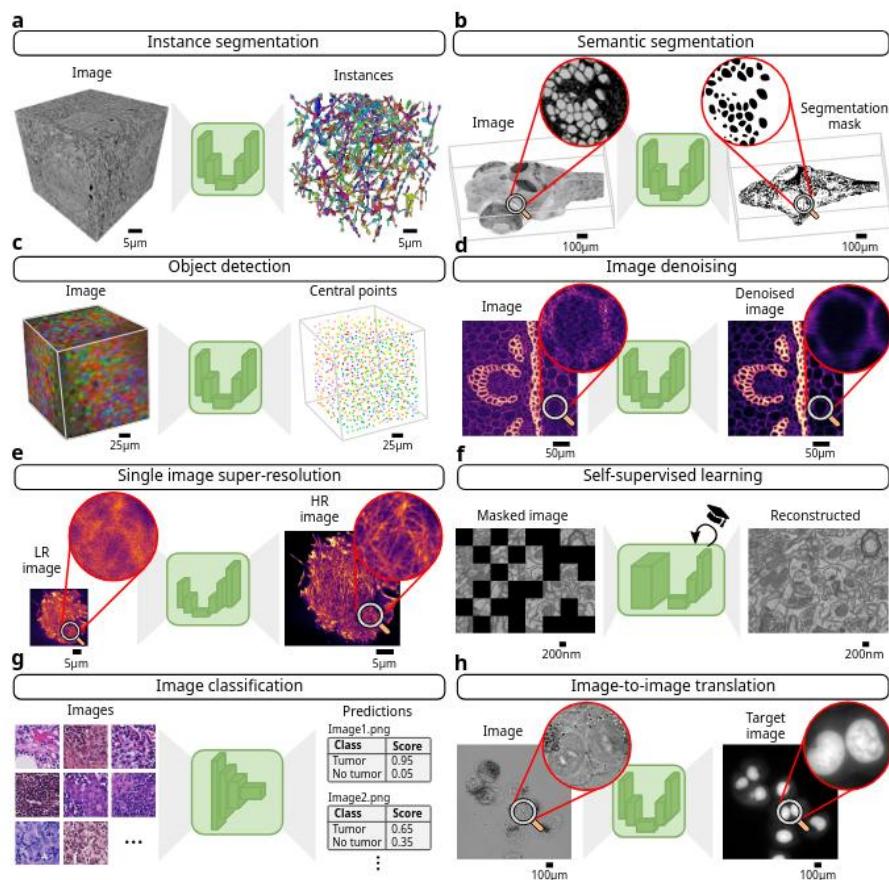
Apprentissage supervisé, IA et analyse d'image

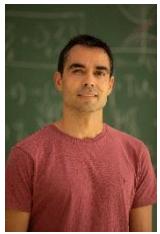
Analyse bio-image à l'ère du deep learning

Ignacio Arganda-Carreras^{1,2,3,4*}

1 : Department of Computer Science and Artificial Intelligence, University of the Basque Country, San Sebastián, Spain ; 2 : Donostia International Physics Center (DIPC), San Sebastián, Spain ; 3 : Biofisika Institute (UPV/EHU, CSIC), Leioa, Spain ; 4 : Ikerbasque, Basque Foundation for Science, Bilbao, Spain
ignacio.arganda@ehu.eus

L'émergence du deep learning a profondément transformé l'analyse d'images en microscopie, ouvrant la voie à des avancées spectaculaires en segmentation, classification, détection d'objets, super-résolution et restauration d'images. Dans cet exposé introductif, nous présenterons les bases conceptuelles de l'intelligence artificielle appliquée à l'analyse bio-image, en insistant sur les architectures et outils les plus utilisés (par ex. U-Net et ses variantes). Nous discuterons également des atouts et limites de ces approches, notamment en termes de besoins en données annotées, de ressources de calcul, de généralisabilité et d'interprétabilité. Enfin, nous illustrerons ces aspects par des exemples concrets d'applications en microscopie optique et électronique, en mettant en avant des solutions open-source (par ex. Fiji, deeplImageJ, BiaPy) qui facilitent l'accès à ces méthodes pour la communauté scientifique. L'objectif est d'offrir une vision claire et critique des opportunités offertes par l'IA en bioimagerie, tout en soulignant les enjeux méthodologiques et techniques qui persistent pour son adoption généralisée.





Ignacio Arganda-Carreras est chercheur en vision par ordinateur et en analyse d'images biomédicales. Il est actuellement Professeur Ikerbasque associé à l'Université du Pays basque (UPV/EHU), et chercheur affilié au Donostia International Physics Center (DIPC) et à l'Institut Biofisika (UPV/EHU, CSIC). Ses recherches portent sur le développement de nouvelles méthodes d'intelligence artificielle pour l'analyse de données de microscopie en 2D et 3D. Il est également impliqué dans plusieurs initiatives internationales visant à promouvoir l'utilisation de solutions open-source et reproductibles en bioimagerie.

Séparation des canaux par Deep Learning pour la construction d'un Atlas 3D+Temps

Hajar Hakkoum^{1*}, Philippe Andrey¹, Sandrine Lefranc¹

1 : IJPB, INRAE, Versailles, France

hajar.hakkoum@inrae.fr

À ce jour, les biologistes consacrent souvent une quantité considérable de temps à la préparation et à la coloration des spécimens, ainsi qu'à l'optimisation des réglages du microscope, pour finalement se confronter à un nombre limité de canaux de fluorescence. Cette contrainte limite la visualisation simultanée de toutes les structures pertinentes et prolonge le temps d'exposition des tissus végétaux. Dans cette étude, nous proposons une solution de séparation de canaux fondée sur l'apprentissage profond, en utilisant l'architecture 3D U-Net, pour extraire deux structures biologiques à partir d'une image 3D monocanal. Cette approche peut contribuer à la construction d'un atlas 3D+temps afin de mieux comprendre l'orientation du plan de division.



En 2023, **Hajar Hakkoum** a soutenu sa thèse portant sur l'interprétabilité en apprentissage automatique appliquée aux données tabulaires. Elle occupe actuellement un poste de chercheuse postdoctorante au sein de l'équipe Modélisation et Imagerie Numérique (MIN) à l'IJPB, où elle se forme aux méthodes de traitement d'images. Elle participe à l'élaboration d'un Atlas 3D+temps visant à améliorer la compréhension du cycle cellulaire.



14^e Journées Scientifiques et Techniques du Réseau des Microscopistes INRAE -5-7 novembre 2025 – Versailles

Apprentissage profond pour localiser et identifier des molécules dans des images 3D de microscopie

Charles Kervrann¹

¹: Equipe-Projet SAIRPICO, Centre Inria de l'université de Rennes, Institut Curie,

INSERM-U1339, Université PSL

charles.kervrann@inria.fr

Ces dernières années, des algorithmes basés sur l'apprentissage profond ont été développés avec succès considérable pour localiser des objets d'intérêt ou segmenter des images dans de nombreux domaines disciplinaires et applications, y compris en imagerie biologique et microscopy. Les réseaux convolutionnels dans la lignée des architectures U-net sont toujours très populaires pour localiser des biomolécules dans les cellules malgré l'émergence de modèles dits « fondationnels » requérant des centaines de milliers voire de millions d'images ou d'annotations pour l'apprentissage. Bien que les algorithmes puissent sembler faciles à utiliser à première vue, la conception des bases de données (annotations) et l'interprétation des résultats produits (e.g., artefacts hallucinatoires) par ces réseaux s'avèrent en pratique difficiles. Cette présentation abordera les défis liés à la mise en œuvre de ces méthodes U-Net bien pour identifier à la fois des macromolécules de petite taille dans des cryo-tomogrammes cellulaires 3D (cryo-tomographie électronique) réputées pour être très bruitées et de localiser des événements rares d'exocytose à la surface des cellules vivantes dans des séquences de vidéo-microscopie. Nous montrerons à travers ces deux exemples comment élaborer des annotations de manière automatique via la simulation ou l'usage d'algorithmes de traitement d'images. Enfin, nous préciserons les avantages / limites de ces méthodes, ainsi que les précautions à prendre pour réduire la taille des bases d'apprentissage et améliorer la généralisation des modèles appris, avant de conclure avec quelques perspectives.



Charles Kervrann est Directeur de Recherches Inria. Il conçoit des méthodes d'apprentissage statistique et des algorithmes IA pour l'imagerie cellulaire et coordonne le noeud « Image Processing and Data Management » de l'Infrastructure Nationale en Biologie-Santé « France-Biolmaging » (FBI).



14^e Journées Scientifiques et Techniques du Réseau des Microscopistes INRAE -5-7 novembre 2025 – Versailles

Imagerie chimique

Plantes, chémobiologie et arts visuels : approches croisées pour révéler l'invisible

Marie Hinnebo^{1*}and Christophe Biot¹

¹Univ. Lille, CNRS, UMR 8576, UGSF, Unité de Glycobiologie Structurale et Fonctionnelle (UGSF), F-59000, Lille, France:

marie.hinnebo@univ-lille.fr; christophe.biot@univ-lille.fr

Les « rapporteurs chimiques » sont devenus des outils incontournables pour marquer et suivre sélectivement les biomolécules dans les systèmes vivants. Grâce à la chimie click/bioorthogonale, ces petites molécules peuvent être incorporées au sein de structures clés — sucres, acides aminés, monolignols ou lipides — puis révélées par fluorescence avec une résolution spatiale et temporelle fine. Ces approches, au cœur de la chémobiologie contemporaine, élargissent considérablement le champ des technologies disponibles pour étudier des processus biologiques dynamiques, comme la glycosylation, la biosynthèse pariétale, les signalisations lipidiques ou le renouvellement protéique, en complément des outils génétiques ou biochimiques classiques.

Lors de cette conférence en duo, nous présenterons une synthèse des stratégies actuelles de marquage chimique : conception moléculaire, aspects synthétiques, et intégration dans les protocoles d'imagerie végétale. Au-delà de leur intérêt analytique, ces outils trouvent également un écho dans des pratiques transdisciplinaires à l'interface entre sciences et arts. En rendant visibles et parfois sensibles des événements moléculaires, ils permettent de nouvelles formes de narration scientifique, mais aussi de médiation auprès de publics non spécialistes. Cette double lecture, scientifique et esthétique, illustre l'évolution de la chimie contemporaine, entre biologie du végétal, technologies d'imagerie et pratiques artistiques.



Figure 1 : Assiette « LIN » par Adèle Tilouine en collaboration avec UGSF-PLBS et la Manufacture de Longchamp
(Photo : Manufacture de Longchamp)



Accompagnatrice de projets arts-sciences, **Marie Hinnebo** conçoit et pilote des initiatives transdisciplinaires à la croisée de la recherche scientifique et de la création artistique. Elle œuvre à faire dialoguer chercheurs et artistes au sein de formats innovants.



Explorateur moléculaire, à l'interface entre chimie et biologie, **Christophe Biot** interroge les langages du vivant et les régimes esthétiques de la recherche contemporaine. Son approche vise à faire émerger de nouveaux récits à partir des structures invisibles de la matière.



14^e Journées Scientifiques et Techniques du Réseau des Microscopistes INRAE -5-7 novembre 2025 – Versailles

Le marquage métabolique : un outil pour l'étude de la biosynthèse et de la dynamique des polysaccharides pariétaux

Marc Ropitaux^{1*}, Quentin Hays¹, Jean-Claude Mollet¹, Aurélie Baron², Boris Vauzeilles², Patrice Lerouge¹, Arnaud Lehner^{1*}

¹ : Université de Rouen Normandie, GLYCOMEV UR 4358, SFR Normandie Végétal FED 4277, Innovation Chimie Carnot, IRIB, F-76000 Rouen, France

² : Université Paris-Saclay, CNRS, Institut de Chimie des Substances Naturelles, UPR 2301, 91198, Gif-sur-Yvette, France

arnaud.lehner@univ-rouen.fr

Le marquage métabolique permet la modification de glycanes, par assimilation et incorporation d'un monosaccharide non naturel qui pourra être visualisé après une réaction bio-orthogonale avec un fluorophore. Cette stratégie trouve de nombreuses applications en biologie fondamentale et appliquée comme le marquage *in vivo* de glycane sur des embryons de poissons zèbres ou la détection de bactéries pathogènes. Plus récemment cette technique a permis la visualisation des parois de cellules végétales. Lors de cette conférence, nous présenterons les résultats marquants obtenus au cours des dix dernières années et ouvrirons le débat sur les possibilités futures de la chémobiologie pour l'étude de la dynamique des parois végétales.



Arnaud Lehner est Professeur à l'Université de Rouen Normandie. Ses recherches, menées au laboratoire GlycoMEV (Université de Rouen Normandie), visent à comprendre le rôle des pectines, depuis leur biosynthèse et leur remodelage, dans l'elongation cellulaire. En particulier, il étudie le domaine pectique Rhamnogalacturonan II dont la fonction est à ce jour encore inconnue. Pour cela, il développe des approches innovantes telles que l'utilisation d'inhibiteurs enzymatiques photo-activable et le marquage métabolique.



14^e Journées Scientifiques et Techniques du Réseau des Microscopistes INRAE -5-7 novembre 2025 – Versailles

Mettre les agents pathogènes en lumière

Boris Vauzeilles¹

¹ : Université Paris-Saclay, CNRS, Institut de Chimie des Substances Naturelles, UPR 2301, 91198 Gif-sur-Yvette, France

boris.vauzeilles@cnrs.fr

Les maladies infectieuses représentent un défi sociétal majeur et actuel.

Avant l'ère des antibiotiques, les infections bactériennes pouvaient avoir des conséquences graves, et certaines épidémies se révélaient dramatiques. La découverte des antibiotiques au XX^e siècle a profondément transformé nos conditions de vie. Cependant, certaines bactéries demeurent difficiles à détecter ou à traiter, et l'émergence de souches résistantes, conjuguée à leur diffusion rapide dans nos sociétés mondialisées, a considérablement réduit l'efficacité de notre arsenal thérapeutique. Les flambées épidémiques ont ainsi régulièrement des conséquences sanitaires, mais aussi économiques, sévères. La détection et l'identification rapides des bactéries restent donc un enjeu majeur.

Nous développons une approche originale pour répondre à cette problématique, fondée sur le marquage métabolique de la surface cellulaire bactérienne. Par exemple, la membrane externe des bactéries à Gram négatif est recouverte d'une couche dense de lipopolysaccharides (LPS) qui joue un rôle essentiel dans l'intégrité de la cellule, mais aussi dans la virulence de certaines souches.

Nous avons montré que les bactéries à Gram négatif métaboliquement actives peuvent incorporer spécifiquement, dans leurs LPS, un monosaccharide chimiquement modifié portant un groupement azoture. Ce groupe rapporteur bioorthogonal peut ensuite être utilisé pour « révéler » les bactéries marquées grâce à une réaction de chimie click. Cette stratégie permet une détection rapide des bactéries pathogènes vivantes.

Nous avons également développé récemment un rapporteur bioorthogonal pour le marquage de la mycomembrane des Corynebactéries, ainsi que de nouveaux outils d'imagerie dédiés au marquage métabolique des glycanes. Nos résultats les plus récents dans ce domaine seront présentés.



Ancien élève de l'École normale supérieure à Paris, **Boris Vauzeilles** a réalisé sa thèse sous la direction du Pr Pierre Sinaÿ, puis un postdoctorat dans le groupe du Pr Julius Rebek, Jr. au MIT puis au Scripps Research Institute (La Jolla). Revenu en France comme chercheur CNRS à l'Université Paris-Saclay, il a rejoint en 2012 l'Institut de Chimie des Substances Naturelles (ICSN), dont il est directeur depuis 2020. Ses recherches, à l'interface entre chimie et biologie, visent à développer des outils moléculaires pour sonder les processus biologiques et détecter les bactéries vivantes, à l'origine notamment de la start-up Diamidex. Actif dans la structuration de la chémobiologie en France et à l'international, il préside l'International Chemical Biology Society (ICBS).



14^e Journées Scientifiques et Techniques du Réseau des Microscopistes INRAE -5-7 novembre 2025 – Versailles

Posters

Posters recherche

Role of the cell wall in iron storage and remobilization in *Arabidopsis thaliana*

Carine Alcon^{1*}, Doudoux-Arnaud Margot¹, Jossia Boucherez¹, Curie Catherine¹, Tou Cheu Xiong¹

¹ : IPSIM, Univ Montpellier, CNRS, INRAE, Institut Agro, Montpellier, France

carine.alcon@cnrs.fr

Iron is an essential micronutrient for plant metabolism, playing a key role in photosynthesis and respiration. However, at high concentrations it becomes toxic, promoting the formation of reactive oxygen species and disturbing cellular balance. Iron concentration is then well controlled by compartmentalization or sequestration mechanisms.

Beyond its structural function, the cell wall is a key interface for ion exchanges with the external environment. For the essential iron nutrient, the apoplastic compartment constitutes the main pool, accounting for up to 70% of the total iron in plant roots [1]. Using fluorescent probes to detect redox state of labile iron (Fe^{2+} and Fe^{3+}) [2], we show that Fe^{2+} is mainly localized at epidermis cell wall, with a polarized distribution that differ between the young and mature regions of the 7 day-old *Arabidopsis* seedling root. This suggests a finely tuned regulation of iron at cell wall for maintaining root development and adapting to local physiological needs.

The aim of this work is to decipher this mechanism underlying this specific iron distribution within the cell wall and to explore its physiological significance, with a particular focus on the role of pectins in iron binding and the dynamic mobilization of this iron pool.

1. Bienfait HF, Van Den Briel W, Mesland-Mul NT (1985), Plant Physiol (78), 596–600
2. Alcon C, Comte A, Curie C, Xiong TC (2024), Plant Physiol (195), 2520–2523



Depuis 15 ans je suis responsable du plateau d'imagerie de l'Institut des plantes de Montpellier intégré aux plateformes sites PHIV et MRI, avec une spécificité pour l'imagerie du vivant en plante.

Je suis également Ingénieur dans l'équipe de Recherche MeMo qui étudie les bases moléculaires de l'homéostasie du fer et du Mn chez les *Arabidopsis*.

Étude microscopique de la distribution bactérienne au cours du temps au sein des turricules de vers de terre

Damien Monzat¹, Laurie Amenc^{2*}, Fiona Elmaleh¹, Arthur Cousson¹, Laetitia Bernard¹

1 : UMR Eco&Sols, IRD, Montpellier, France

2 : UMR Eco&Sols, INRAE, Montpellier, France

laurie.amenc@inrae.fr

Les déjections des vers de terre, ou turricules, sont des hotspots d'activité microbienne du sol caractérisés par une dynamique très prononcée de la transformation des matières organiques qu'ils renferment. L'objectif de ce travail était de localiser finement les bactéries au sein de ces turricules, par rapport aux différentes matières organiques, au cours de leur vieillissement.

Pour ce faire, la conservation de la structure 3D est essentielle. Nous avons testé différents protocoles d'enrobage, d'inclusion ainsi que de marquage des bactéries [1].

L'observation au microscope en épifluorescence a permis d'identifier différentes structures dans les turricules, basé sur les autofluorescences de différentes molécules. Une approche par PCR in situ[2] ciblant l'ADN 16S a été développée pour visualiser les bactéries présentes au sein de ces structures. Cette méthodologie a permis également de quantifier les différents signaux tout en les localisant dans le turricule. Ce travail ouvre de nouvelles perspectives notamment pour l'étude des interactions entre espèces microbiennes au sein des turricules.

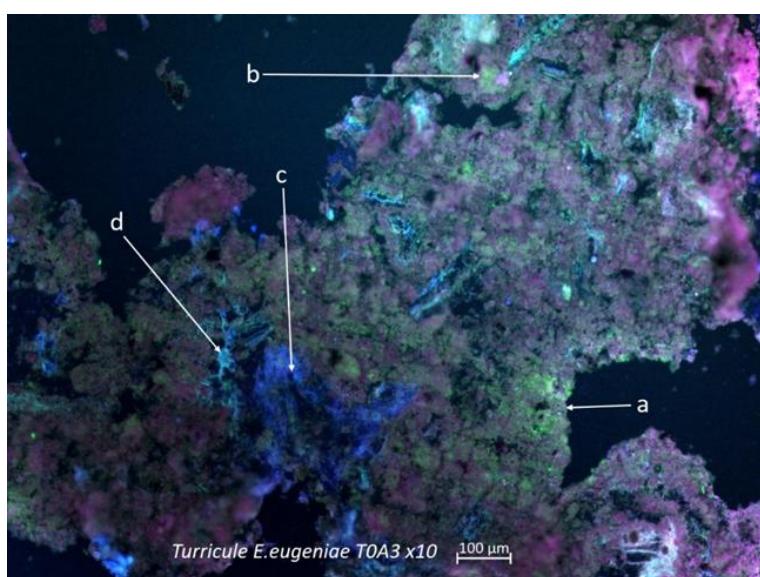


Figure 1 : Turricule *E.eugeniae*. La zone (a) montre une distribution globale du signal bactérien sur la MO. La zone (b) pointe un amas de MO entouré de signal bactérien. La zone (c) montre une zone végétale. La zone (d) montre du signal bactérien sur une zone végétalisé.

Références :

[1] Davoudpour Y, Stryhanyuk H, Richnow HH and Musat N (2021), Front. Plant Sci. 12:668929.

[2] V.Cerecetto, E.Beyhaut, L.Amenc, C.Trives, N.Altier, JJ.Drevon(2021),Frontiers in Sustainable Food Systems, 2021, 4.



Biogiste moléculaire, je m'intéresse à la visualisation de la localisation des activités des gènes dans diverses matrices.

Application de la reconstruction 3D en microscopie électronique pour décrire des organismes d'intérêt en agroécologie

Noa Leroy¹, Aline Bonnotte¹, Franck Ménétrier¹, François Prudot d'Avigny¹, Chrystel Deulvot¹, Romain Barnard¹ et Laure Avoscan^{1*}

1 : UMR Agroécologie, plateforme DlmaCell, Université Bourgogne Europe, Institut Agro Dijon, INRAE, Dijon, France

laure.avoscan@inrae.fr

L'imagerie 3D en microscopie électronique, et en particulier l'approche par Array Tomography, constitue une avancée majeure pour l'étude détaillée des structures biologiques. Nous avons appliqué cette méthodologie innovante au modèle *Wolffia globosa*, une lentille d'eau comestible et riche en protéines, avec pour objectif in fine de localiser les microorganismes fixateurs d'azote (diazotrophes) présents dans son microbiote (1). *Wolffia globosa*, grâce à sa haute teneur en protéines (>40%) et son potentiel de culture durable, représente une ressource aquatique d'intérêt majeur pour l'alimentation de demain. Nous détaillons ici le flux de travail complet d'acquisition d'images 3D haute résolution avec un Microscope Electronique à Balayage Tescan Clara : de la préparation des échantillons à l'alignement des données. À partir d'une préparation conventionnelle d'échantillons pour Microscopie Electronique à Transmission, cette méthodologie permet l'acquisition automatisée d'images sérielles 2D via le logiciel Tescan ArrayTomo2, qui sont ensuite reconstruites en un volume tridimensionnel avec la suite logicielle Tescan Viewer. L'automatisation de l'acquisition et le pré-alignement intégrés dans l'Array Tomography simplifient considérablement le processus de reconstruction et d'analyse, générant des jeux de données structurés essentiels pour une analyse morphologique fine et réduisant les biais des analyses 2D. Cette approche permet ainsi de visualiser, segmenter et analyser en profondeur les structures internes de *Wolffia globosa*, offrant ainsi une compréhension plus complète de son architecture. La prochaine étape consistera à cibler des zones d'intérêt spécifiques pour localiser précisément les diazotrophes et comprendre leur rôle dans la fixation de l'azote.

Références :

- [1] Prudot-D'avigny François, Romain L. Barnard, Osnat Gillor. Reaching for duckweed microbiome (2025), Method development to assess duckweed-associated bacteria. IS-MPMI International Society for Molecular Plant-Microbe Interactions Congress 2025." Cologne, Allemagne, 13-17 juillet 2025, Jul 2025, Cologne, Germany. (hal-05216679)

Je suis Laure Avoscan docteure-microbiologiste spécialisée en nanobiologie et microscopie



analytique dans l'UMR agroécologie de Dijon du centre INRAE de Bourgogne-Franche-Comté. Je suis responsable du Centre de Microscopie, composante de la plateforme régionale d'imagerie cellulaire DlmaCell. Au sein de l'UMR agroécologie et de mon équipe de recherche, j'étudie notamment les interactions complexes entre les plantes et les microorganismes du sol pour valoriser la biodiversité tellurique.

Exploring influence of pH on *Arabidopsis thaliana* root hair growth

Emilie Baconnais¹, Alexis Peaucelle¹, Herman Höfte¹ and Kalina T. Haas¹

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

emilie.baconnais@inrae.fr

Plant growth and crop yield are affected by pH. Soil acidification hinders root and root hair growth, which in turn influences the nutritional balance and biomass of the aboveground parts. It is well established, however, that wall acidification leads to an increase in the extensibility of the cell wall, allowing turgor-driven growth according to the acid growth theory. This acidification, inducing cell wall relaxation through loosening proteins such as expansins, is only part of the story. In a more alkaline context, enzymes, such as pectin methylesterases become more active. These enzymes can promote or inhibit cell wall expansion depending on the context. Therefore, a better understanding of the spatio-temporal balance of the apoplastic pH and its effect on these cell wall modifying proteins and how their activity feeds back on the pH, is needed to understand growth control. I will show how microfluidics-mediated perturbation of extracellular pH allows to investigate the correlation between growth and pH. Surprisingly, the growth of root hairs was strongly resilient against pH variations, except during extreme acidification of the extracellular medium. I also combined the blue light-activatable proton pump ArchT [1] and the FLIM-based apoplastic pH sensor CarboTag-OG [2] to simultaneously perturb the cell wall pH and observe in real time the pH changes and their impact on the growth rate.

Références :

- [1] Han, X., Chow, B. Y., Zhou, H., Klapoetke, N. C., Chuong, A., Rajimehr, R., Yang, A., Baratta, M. v., Winkle, J., Desimone, R., & Boyden, E. S. (2011). *Frontiers in Systems Neuroscience*, 5.
- [2] Besten, M., Hendriksz, M., Michels, L., Charrier, B., Smakowska-Luzan, E., Weijers, D., Borst, J. W., & Sprakler J. (2024). *Nat Methods*, 22, 1081–1090.



Je suis étudiante en dernière année de thèse dans l'équipe PhyWall à l'institut Jean Pierre Bourgin (Inrae). Depuis deux ans, je cherche à comprendre comment le pH de la paroi intervient dans la croissance des poils absorbants d'*Arabidopsis thaliana*. Pour cela je me suis familiarisée avec différentes techniques de microscopie telles que la microfluidique, le FLIM et le dSTORM.

Étude des facteurs modulateurs de la bioaccumulation de microplastiques dans les larves de mouche soldat noire

Adeline Berger¹, Nina Gobin¹, Marie Papin¹, Thierry Astruc¹, Christelle Planche¹

¹ : UR370, Unité Qualité des Produits Animaux, INRAE, Saint Genès Champanelle, France

La larve de mouche soldat noire (LMSN) est une nouvelle source de protéines utilisée en alimentation animale. Elle présente de nombreux avantages dont la capacité à se nourrir de nos biodéchets. Ceux-ci peuvent contenir des microplastiques (MPs) qui sont susceptibles d'être transférés dans les larves, d'impacter leur santé ainsi que celle des animaux d'élevage qui consommeraient les LMSN [1], [2]. De plus, la composition variable de ces biodéchets pourrait influencer la bioaccumulation des MPs dans les LMSN. C'est pourquoi, dans cette étude, nous avons fait varier l'humidité et la teneur en matière grasse d'un substrat de référence. De plus, des MPs fluorescents (53-63µm) ont été ajoutés au substrat, afin d'évaluer leur impact sur le développement des LMSN et leur bioaccumulation. Des approches de microscopie nous ont permis de caractériser les MP et la cavité pré orale des LMSN ainsi que de dénombrer les MPs présents dans les tubes digestifs des LMSN. Les résultats montrent une diminution du taux de pupes à 80% d'humidité ou 10% de matière grasse dans le substrat. Dans les conditions testées, les MP n'ont pas impacté le développement larvaire et aucune bioaccumulation n'a été mise en évidence, bien que les tubes digestifs des LMSN, élevées sur un substrat à 80% d'humidité, présentent un plus grand nombre de MPs. Par ailleurs, plus de 400 particules inférieures à la taille attendues ont été dénombrées. Ces travaux permettent de mieux comprendre les facteurs impactant la bioaccumulation des MPs dans les LMSN mais de futures études sont nécessaires pour déterminer l'origine des MPs < 53µm, ainsi que leur potentiel de diffusion dans les tissus.

Références :

- [1] Lievens S, Vervoort E, Bruno D, Van der Donck T, Tettamanti G, Seo JW, Poma G, Covaci A, De Smet J, Van Der Borght M (2023), *Scientific Reports*, Vol 13, 4341
[2] Planche C, Lievens S, Van der Donck T, Sicard J, Van Der Borght M (2025), *Waste Management*, Vol 203, 114852



Adeline est spécialisée dans la préparation d'échantillons et des techniques d'imagerie de fluorescence. Pendant quinze ans, elle s'est consacrée au monde végétal, en travaillant à l'interface entre l'Observatoire du Végétal et l'équipe *Physiologie de la Germination* de l'Institut Jean-Pierre Bourgin (INRAE Versailles).

En 2023, elle a rejoint l'unité *Qualité des Produits Animaux* (INRAE Theix) où elle explore désormais l'impact des procédés technologiques sur la qualité de la viande, en mobilisant des approches d'imagerie chimique, notamment la microspectroscopie FT-IR.

BIP: une nouvelle approche logicielle pour l'analyse des images biologiques par lots

Eric Biot^{1*}, Sandrine Lefranc¹, Jasmine Burguet¹ et Philippe Andrey¹

¹ : IJPB, INRAE, Versailles, France

eric.biot@inrae.fr

L'imagerie biologique fait face à des besoins croissants pour traiter et analyser de manière reproductible de grands lots d'images multidimensionnelles à l'aide de pipelines complexes. BIP (Biological Image Analysis) est un nouveau logiciel d'analyse d'images open source que nous avons développé pour répondre à ces besoins. La particularité de BIP est d'être nativement conçu pour le traitement par lots et pour l'exécution de pipelines. Il s'appuie sur une syntaxe unifiée, simple et éditable par l'humain, pour traiter une ou plusieurs images et pour spécifier des opérations individuelles ou combinées. En tant qu'outil en ligne de commande, BIP se prête également parfaitement aux applications nécessitant le recours à des serveurs de calcul haute-performance. BIP occupe une niche originale dans l'écosystème des logiciels d'analyse d'images biologiques et devrait contribuer au développement de la recherche ouverte et reproductible ainsi qu'à l'adoption de bonnes pratiques dans ce domaine.

Références :

[1] <https://andreylab.versailles.inrae.fr/html/bip.html>



Ingénieur dans l'équipe Modélisation et Imagerie Numérique (P. Andrey, IJPB). Je m'intéresse à la morphogenèse des végétaux en développant des stratégies algorithmiques de traitement et d'analyse d'images pour extraire des informations pertinentes à partir d'observations individuelles.

OpenCID : gestion, analyse, traitement, partage et édition de données de recherche

Raphael BRAUD-MUSSI¹, Kevin RAGUETTE², Gabriel LE GOFF¹, Bilal BOUKHORISSA¹, Assa DIABIRA¹, Michel SMADJA², Pierre BOURDONCLE¹

¹ IMAG'IC, Institut Cochin, Université Paris Cité UMR-S1016, INSERM U1016, CNRS UMR8104, Paris, France.

² OpenCID

pierre.bourdoncle@inserm.fr

Dans le contexte des plans de gestion de données (PGD), de la production exponentielle des données de recherche, que ce soit en termes de quantité ou, surtout, de volume des données, ainsi que du problème de souveraineté des données de recherche, de la science ouverte et du principe FAIR (Findable, Accessible, Interoperable, Reusable), nous proposons le logiciel open source OpenCID (Open Collaborative Image Database).

Ce logiciel est actuellement le seul capable de gérer des données omiques et d'imagerie via une simple interface web. Beaucoup d'articles et de formations théorisent la gestion des données sans proposer d'outils concrets pour la mettre en œuvre. Nous offrons ici un outil gratuit et open source, qui peut être déployé sur tout type de plateforme et d'infrastructure. OpenCID permet l'importation, l'extraction et la création de métadonnées, ainsi que l'archivage, la sauvegarde, le traitement et l'analyse d'images, la consultation multidimensionnelle et le partage, tout en restant souverain sur ses données. OpenCID peut gérer aujourd'hui une quarantaine de formats constructeurs en microscopie photonique et électronique. En limitant le nombre de copies, OpenCID permet d'améliorer la gestion des volumes de stockage et d'optimiser le traitement d'images en lançant sur de grandes quantités de données des algorithmes en deep learning comme CellPose, StarDist ou ilastik. En conclusion, OpenCID représente une solution innovante et complète pour la gestion des données de recherche, offrant des fonctionnalités avancées tout en respectant les principes de la science ouverte et de la souveraineté des données.

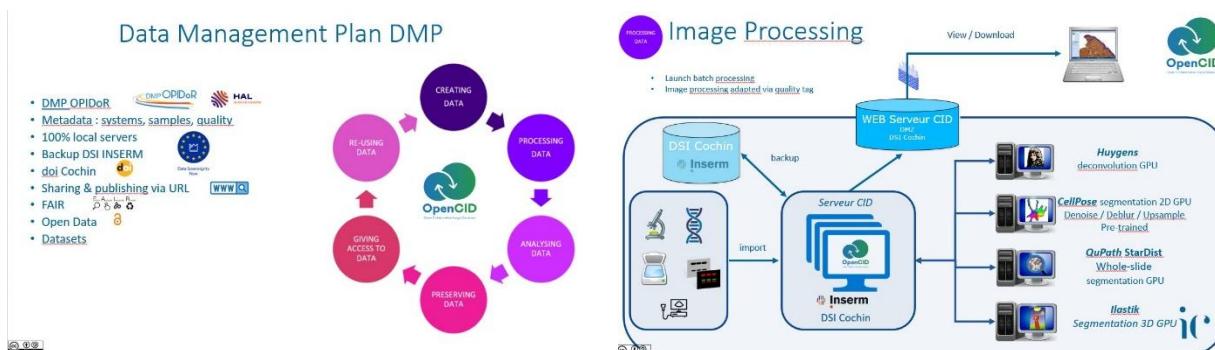


Figure 1 : schéma de la base de données OpenCID



Responsable depuis 20ans de la plate-forme d'imagerie cellulaire IMAG'IC de l'Institut Cochin à Paris. Co-responsable du Master Bio-informatique Ingénierie de plate-forme en biologie à l'Université Paris Cité.

Je développe depuis 10ans une solution de base de données, OpenCID, permettant de prendre en charge l'ensemble des étapes d'un plan de gestion de données.

Quantification systématique et en trois dimensions des cellules en métaphase et des fuseaux mitotiques dans la pointe racinaire

Katia Belcram, Martine Pastuglia, Jasmine Burguet

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

jasmine.burguet@inrae.fr

La microscopie confocale est un outil de choix pour accéder aux organisations spatiales 3D des structures biologiques. Nous proposons ici une stratégie permettant l'extraction et la quantification de l'organisation de structures cellulaires et intracellulaires en 3D à partir de piles d'images dans lesquelles des structures d'intérêt sont marquées. Chaque cellule d'intérêt est d'abord isolée dans une imagette, puis les structures marquées sont automatiquement segmentées et des représentations ellipsoïdales sont utilisées pour les représenter. L'utilisation d'un modèle géométrique simplifié permet une quantification facile et rapide des principales caractéristiques de taille et de forme des structures. Pour illustrer cette stratégie, nous avons utilisé des images confocales 3D du méristème racinaire d'Arabidopsis, une zone de division active située à l'extrémité de la racine. Trois canaux par image ont été acquis, correspondant au marquage spécifique des microtubules, de l'ADN et de la paroi cellulaire. Nous nous sommes concentrés sur les cellules en métaphase, un stade spécifique du cycle cellulaire pendant la division identifiable grâce à la présence d'une structure microtubulaire spécifique, le fuseau mitotique, qui se forme de chaque côté de la plaque métaphasique, là où les chromosomes se regroupent en métaphase. Les volumes cellulaires ont été automatiquement segmentés à partir du canal de la paroi cellulaire, puis le fuseau et la plaque métaphasique ont été délimités dans le volume cellulaire grâce aux canaux des microtubules et de l'ADN. La quantification systématique des cellules en métaphase a permis, par exemple, de mieux caractériser l'occupation du fuseau mitotique dans la cellule, ou encore d'émettre des hypothèses quant aux raisons expliquant la taille variable des zones de division en fonction des tissus.



Chercheuse en biomathématiques et modélisation numérique à partir de données images, pour comprendre le développement et la morphogenèse des plantes et des systèmes biologiques en général.

Voyage dans la tête d'un puceron. HCR RNA FISH, comparatif entre espèce, observation fine dans le système nerveux.

Bastien Cayrol¹, Delphine Chabannes¹, Stefano Colella¹, Marilyne Uzest¹

1 : UMR PHIM, INRAE, Montpellier, France

bastien.cayrol@inrae.fr

La détection de transcrits chez un insecte peut s'avérer fastidieuse et invasive, nécessitant souvent des méthodes comme la dissection ou la microtomie. Ce poster présente une approche alternative combinant la technique HCR RNA FISH et la clarification tissulaire iDisco+, permettant la détection de transcrits dans la tête du puceron tout en préservant le contexte anatomique.

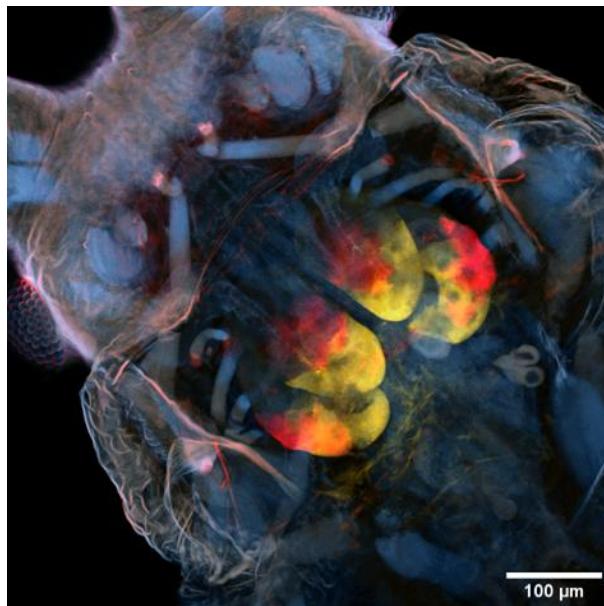


Figure 1 : Détection des transcrits SHP salivary sheath protein (Alexa 546) C002 salivary effector (Alexa 647) dans la tête du puceron.

Références :

- [1] Cayrol B, Colella S, Uzest M (2024), Coupling clearing and hybridization chain reaction approaches to investigate gene expression in organs inside intact insect heads. Microsc Res Tech, 87(8):1926-1932.



Je suis Bastien Cayrol, technicien à l'INRAE. Auparavant, j'ai travaillé dans plusieurs laboratoires, notamment à l'Institut Curie et à l'ENS, sur des sujets tels que la division bactérienne et le repliement des ARN. Depuis ma titularisation au PHIM (Plant Health Institute of Montpellier), je travaille sur la vectorisation des phytovirus par les pucerons. Pour mieux comprendre les mécanismes de rétention des virus, nous développons des techniques d'imagerie whole mount permettant de détecter des transcrits sans recourir à des méthodes de dissection trop invasives.

Enhancing Whole-Mount In Situ Hybridization Efficiency Using Microwave

Liudmila Chelysheva and Jean-Christophe Palauqui

IJPB, INRAE, Versailles, France

Liudmila.Chelysheva@inrae.fr

Modern studies in integrative biology require fast and reliable tools to visualize gene expression in its spatial and temporal context. Traditional approaches using transgenic reporter lines fused to fluorescent proteins are informative but often laborious, time-consuming, and potentially biased by transgene insertion effects or incomplete promoter sequences. *In situ* mRNA hybridization offers a direct alternative to detect endogenous gene expression in any tissue or genetic background, although classical colorimetric methods on tissue sections are technically demanding [1–3].

To address these limitations, we developed a microwave-based Whole Mount *In Situ* Hybridization (WISH) protocol that enables efficient detection of mRNA in entire *Arabidopsis* organs—including embryos, roots, leaves, and meristems—without sectioning. This method combines alkaline phosphatase (AP) amplification for colorimetric and fluorescent visualization and allows simultaneous staining of cell walls and nuclei. It can also be extended to double WISH using AP and peroxidase (POD) systems to reveal the co-localization of two distinct transcripts.

From this information, we can create a 3D representation of corresponding expression domains at cellular resolution.

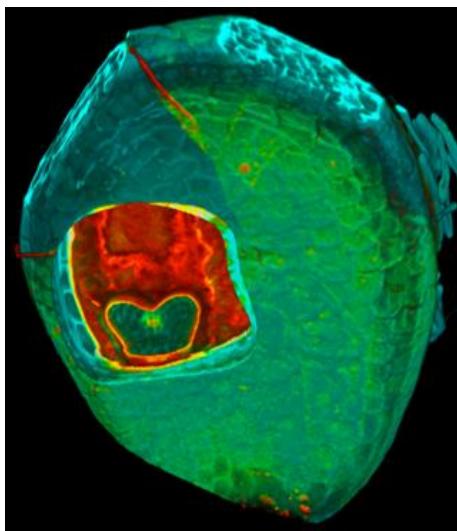


Figure 1 : CUC2 mRNA detection in heart stage embryo inside their integuments

Références :

1. Gall JG. The origin of *in situ* hybridization - A personal history. *Methods*. 2016;98:4–9. <https://doi.org/10.1016/j.ymeth.2015.11.026>.
2. Johnson CV, Singer RH, Lawrence JB. Chapter 3 Fluorescent Detection of Nuclear RNA and DNA: Implications for Genome Organization. *Methods in Cell Biology*. 1991;35 C:73–99. [https://doi.org/10.1016/S0091-679X\(08\)60569-5](https://doi.org/10.1016/S0091-679X(08)60569-5).
3. Francoz E, Ranocha P, Pernot C, Ru AL, Pacquit V, Dunand C, et al. Complementarity of medium-throughput *in situ* RNA hybridization and tissue-specific transcriptomics: Case study of *Arabidopsis* seed development kinetics. *Scientific Reports*. 2016;6 January:1–10. <https://doi.org/10.1038/srep24644>.

Describing the diversity and spatial organisation of phototrophic microbial mats using fluorescence microscopy

Zoé Commander^{1,2}, Lopez Garcia², Maria Ciobanu², Vlad Costache¹

¹: MIMA2-Micalis, INRAE ; ²: DEEM team-ESE, IDEEV ;

zoe.commander@inrae.fr

Microbial mats are benthic communities found in moderately extreme environments. These highly rich ecosystems harbour a huge diversity of microorganisms embedded in an organic and mineral matrix organised in a Winogradsky column-like manner according to the penetration of different resources [1,2]. Photosynthetic microbial mats exhibit phototrophic organisms as one of the primary producers. These ecosystems can be explored using fluorescence approaches. The fluorescence of microbial cells can emerge from two types of sources: endogenous (endogenous fluorescence) or exogenous (fluorescent staining). Autofluorescent compounds such as phototrophic pigments are found in specific microbial groups [3,4], and other types of autofluorescent molecules like enzymatic cofactors F420 are found in organisms including methanogenic archaea [5]. On the other side, fluorescent dye staining allows targeting of defined cell structures or more specific like DNA/RNA specific sequences (Fluorescence In Situ Hybridisation). Here, we explored the *in situ* 3D distribution of different microorganisms defined by their morphology and fluorescence profile (fluoromorphotypes) in the surface layers of a phototrophic non-dissociated microbial mat using fluorescence microscopy approaches. We imaged phototrophic microbial mats collected in saline environments with orthogonal Light Sheet Fluorescence Microscopy, allowing us to explore in 3D several centimetres depth microbial mats cores vertically mounted. Results show the high level of fluorescence within some of the groups and the high density of microbial cells and diversity of fluoromorphotypes in the studied mats. This approach allows for better understanding of the stratification of microbial species and physically close interactions that may involve trophic dependency, which might help better understand evolutionary key events.

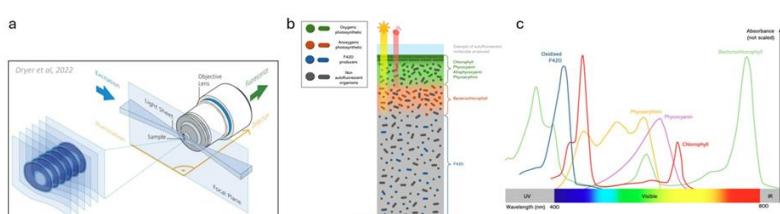


Figure 1 : a) Schematic representation of Light Sheet Microscopy. b) Schematic representation of microorganism distribution in a phototrophic microbial mat depending on their autofluorescent compound production, not scaled. c) not scaled schematic representation of the typical absorbance profile of these autofluorescent molecules (adapted from PhotochemCAD, commons.Wikimedia, Hasmat U UTA 2016).

scale schematic representation of the typical absorbance profile of these autofluorescent molecules (adapted from PhotochemCAD, commons.Wikimedia, Hasmat U UTA 2016).

Références :

- [1] Bolhuis H, Cretoiu MS, Stal LJ (2014). FEMS Microbiol Ecol. Volume 90(2):335-50
- [2] Cristina M. et al (2018). Electronic Journal of Biotechnology. Volume 31, 48-56
- [3] A. Orona-Navaret al (2021). Journal of Biotechnology. Volume 332, 29-53.
- [4] Taniguchi M, Lindsey JS (2021). Photochem Photobiol. Volume 97(1), 136-165.
- [5] Lambrecht, J., Cichocki, N., Hübschmann, T. et al (2017). Microb Cell Fact. Volume 16, 180



PhD student: Zoé Commander (MIMA2-Micalis, INRAE & DEEM team-ESE, IDEEV)
Supervision: Vlad Costache (MIMA2-Micalis, INRAE), Purificacion Lopez Garcia (DEEM team-ESE, IDEEV), Maria Ciobanu (DEEM team-ESE, IDEEV)

Microscopie d'expansion sur Meiocytes d'*Arabidopsis thaliana*

Lindy ALINE, Laurence CROMER¹

¹ Université Paris-Saclay, INRAE, AgroParisTech, Institut Jean-Pierre Bourgin (IJPB), 78000, Versailles, France
*laurence.cromer@inrae.fr

La méiose est une division cellulaire particulière à l'origine de la formation des gamètes. La méiose mâle chez les plantes se déroule dans les anthères, et les cellules réalisant cette division, appelées méiocytes, sont peu nombreuses et difficilement accessibles. La visualisation des différents événements de la méiose est essentielle pour comprendre ces mécanismes. La microscopie d'expansion permet ainsi d'observer les mécanismes de la méiose en « gonflant » artificiellement les échantillons. Cette approche innovante offre une résolution accrue et facilite l'étude fine de l'organisation cellulaire et des structures impliquées lors de la méiotique.

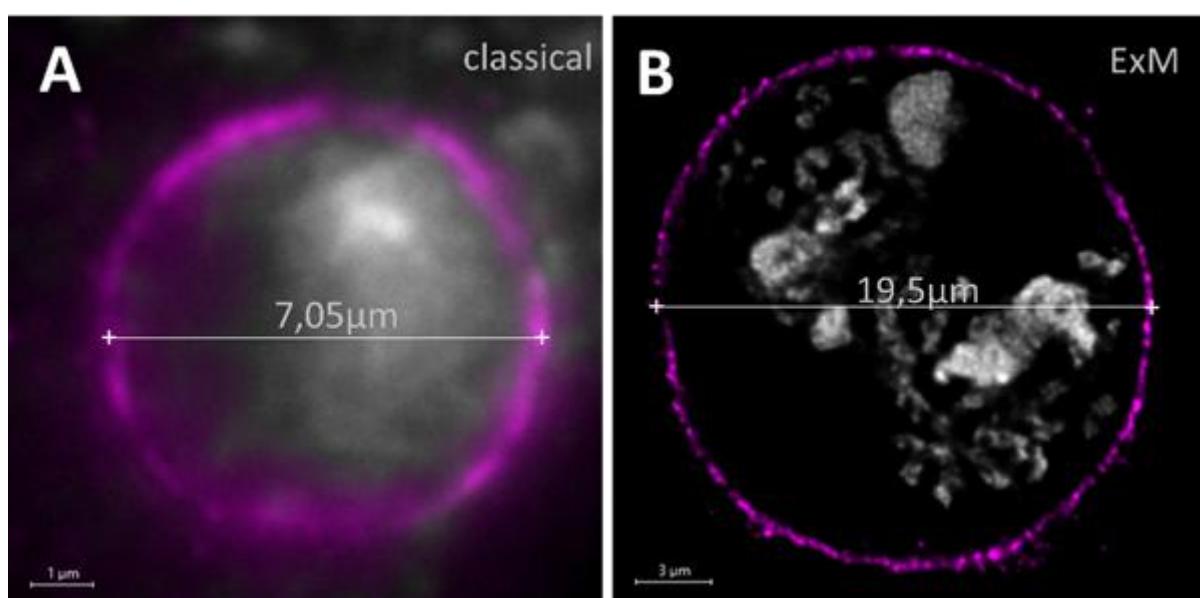


Figure 1 : Immunolocalisation d'une protéine de la membrane nucléaire et coloration au DAPI

A : Observation d'un meiocyte au microscope à épifluorescence

B : Observation d'un meiocyte après ExM au microscope confocal



Je suis ingénierie de recherche à l'IJPB (Institut Jean-Pierre Bourgin) à Versailles, spécialisée dans l'étude des mécanismes fondamentaux de la méiose chez la plante modèle *Arabidopsis thaliana*. Titulaire d'un doctorat en biologie de l'Université Paris-Saclay, je m'intéresse actuellement aux mouvements des chromosomes au cours de la prophase méiotique. Mes recherches portent plus particulièrement sur l'organisation des protéines dans le noyau pendant la méiose

Monitoring the 3D-dynamics of the cytoskeleton during the plant cell cycle

¹B. Dalmais, ¹E. Biot, ¹S. Lefranc, ² Smartlab, ¹Z. Bomsel, ¹D. Bouchez, ¹P. Andrey and ¹M. Uyttewaal

¹ : IJPB, INRAE, Versailles, France

² : Smartlab, <https://www.smartlabs.be/>

berengere.dalmais@inrae.fr

Le processus de division cellulaire, et particulièrement le contrôle de l'orientation des plans de division, est crucial pour déterminer la morphogenèse des plantes. Notre objectif est d'en fournir une vision intégrative dans un cadre temporel. Pour cela, nous travaillons à décrire la dynamique des structures subcellulaires telles que les réseaux de microtubules, le positionnement du noyau et la géométrie cellulaire au cours du cycle cellulaire chez *Arabidopsis thaliana*. Pour suivre ce processus dans le temps, nous avons développé des lignées fluorescentes multimarqueurs, un système automatisé d'imagerie live haute résolution permettant de suivre la zone méristématique des racines, ainsi qu'un système microfluidique permettant de maintenir les plantes dans des conditions optimales pendant l'observation.



Actuellement ingénierie d'étude INRAE dans l'unité IJPB, j'ai travaillé au cours de ma carrière sur les mécanismes de réPLICATION d'une bactérie gram+, puis sur ceux de l'infection d'un champignon phytopathogène nécrotrophe pour m'intéresser plus récemment à la division cellulaire chez la plante. Mes compétences couvrent le domaine de la biologie moléculaire et cellulaire, la cytologie, la microfluidique et le prototypage. Je partage mon temps de recherche avec l'animation du fablab du centre de recherche de Versailles-Saclay (Pépinière Numérique INRAE,

<https://versailles.pepinierenumerique.inrae.fr/#!/>

Array tomography, a versatile approach for performing volume EM with a non-destructive method

Christine Longin, Christine Péchoux, Vlad Costache

A central objective in cell biology and cell ultrastructure imaging is to produce high-resolution three-dimensional reconstructions of organelles or entire cells. Volume electron microscopy (vEM) is the preferred imaging method in this arena because of its unique ability to resolve features across a wide spectrum of spatial scales. We emphasize here three crucial advantages across different scenarios: (1) Screening the section library before selectively imaging biological specimen. Array tomography (AT) is a versatile microscopy method that offers superlative opportunities to explore cell and tissue architectures in three dimensions. AT is a more accessible approach compared to SBF-SEM and FIB-SEM that need very specific equipment. Furthermore, it has the advantage of preserving all sections. The separation of section sub-volumes at higher resolution, (2) Post-staining or labelling the sections, (3) (Re)imaging sections at any time ('random access'), choosing multiple regions of interest. We show here an AT workflow developed within our imaging facility and using a Leica ultramicrotome and a Hitachi FEG-SEM



Mechanisms of synthesis and release of fungal extracellular vesicles produced by phytopathogen

Margot Magnier¹, Héloïse Gaudin¹, Justine Vergne¹, Kaori Sakai¹, Jérôme Chapuis¹, Anthony Colas¹, Adeline Simon¹, Guillaume Dupuis², Richard O'Connell¹, Sandrine Lévêque-Fort², Stéphanie Mangenot³, Julien Pernier¹
¹BIOGER, INRAE, Université Paris-Saclay, Palaiseau ; ²ISMO, Université Paris Saclay, CNRS, UMR8214, Orsay ;
³NABI, CNRS UMR8175, INSERM U1334, Université Paris Cité, Paris

margot.magnier@inrae.fr heloise.gaudin@inrae.fr

Extracellular vesicles (EVs) are small (from 30 nm up to 2000 nm), membrane-enclosed particles, containing proteins, lipids, nucleic acids and other biomolecules, that are released by cells to facilitate **intercellular and interkingdom communication**. Well characterized in mammals, EVs can be formed by direct budding of the plasma membrane or indirectly released from multivesicular bodies (MVBs) after fusion with the plasma membrane. In these two pathways, four major protein families - Rab GTPases, SNAREs, ESCRT, and the exocyst complex - play crucial roles in the biogenesis of EVs in mammals. However, their synthesis and release pathways remain poorly understood in fungi. Thus, the elucidation of these pathways represents a **major agronomic challenge**, as fungi and plants exchange EVs during **host-pathogen interaction**.

Our hypothesis is that various proteins homologous to those characterized in mammals, control the production of fungal EVs and have an impact on the membrane tension.

The aim of this study is to reveal the **molecular mechanisms** regulating fungal EV synthesis and release. In this way, long term goal is to discover fungal specific protein in these pathways that will constitute perfect **targets to develop new strategy against fungal phytopathogen**.

We will use 2 different fungi as model organism to study the impact of infection mode (necrotrophy, hemibiotrophy). In this ambitious project, combining molecular biology, biophysics, biochemistry, and microscopy, we will use innovative technology such as FLIM microscopy and EVs biomimetic systems. This will allow us to better understand the role of proteins in EVs synthesis and release.



Quantification semi-automatique des signaux de phosphorylation de l'histone H3 au cours de la division dans les racines *Arabidopsis*

Adrienn Kelemen^{1,2}, Magalie Uyttewaal¹, Csaba Máthé², Philippe Andrey¹, David Bouchez^{1*}, Martine Pastuglia^{1*}

1 : Université Paris-Saclay, INRAE, AgroParisTech, Institut Jean-Pierre Bourgin for Plant Sciences (IJPB), 78000, Versailles, France ; 2 : Plant Cell and Developmental Biology Research Group, Department of Botany, Faculty of Science and Technology, University of Debrecen, Debrecen, Egyetem ter 1, H-4032, Hungary

Martine.Pastuglia@inrae.fr

La modification post-traductionnelle des histones au cours du cycle cellulaire est un processus majeur qui contrôle de nombreux aspects de la division cellulaire. Parmi ceux-ci, la phosphorylation de l'histone H3 au niveau de la sérine 10 (H3S10ph) pendant la mitose joue un rôle essentiel, notamment en assurant une ségrégation chromosomique correcte. Dans cette étude, notre objectif était de mesurer avec précision la dynamique de cette phosphorylation pendant la mitose dans les cellules végétales afin de mieux comprendre les voies moléculaires impliquées.

Nous avons développé un pipeline d'analyse d'images 3D qui permet la quantification semi-automatisée de la phosphorylation de H3S10 dans les cellules mitotiques des racines d'*Arabidopsis*. De plus, nous avons introduit une nouvelle méthode pour corriger l'atténuation du signal le long de l'axe Z, qui repose sur la mesure directe de l'intensité des objets d'intérêt. Cette nouvelle approche de correction améliore considérablement la précision et la robustesse statistique.

Grâce à ce pipeline, nous avons détecté de différences subtiles dans les niveaux de H3S10ph entre des mutants présentant une activité phosphatase PP2A altérée, révélant que les enzymes PP2A pourraient être indirectement impliquées dans la régulation des niveaux de H3S10ph. En outre, cet outil offre de nouvelles possibilités pour étudier ces voies de régulation chez les plantes en tirant parti des vastes ressources génétiques disponibles chez *Arabidopsis*. Il peut également être adapté pour étudier d'autres modifications post-traductionnelles des histones ou, plus généralement, tout signal 3D discret.

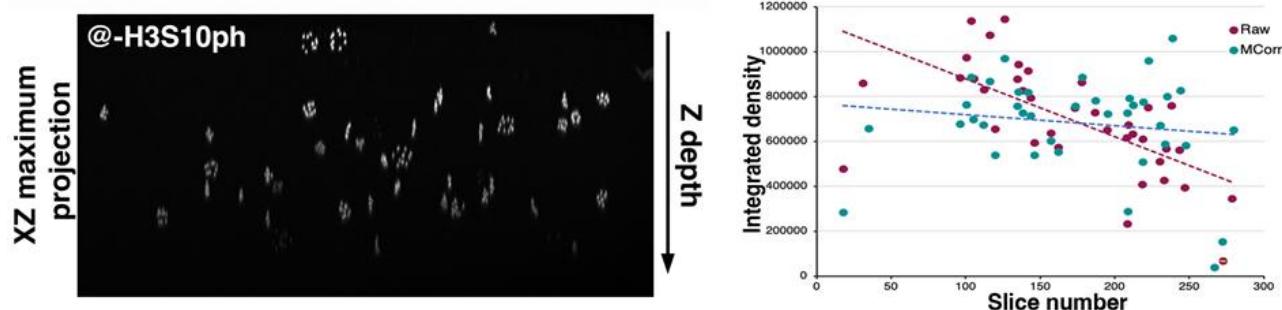


Figure 1 : A gauche, projection en XZ d'un stack de racine 3D montrant l'atténuation du signal en Z des signaux H3S10 (immunolocalisation whole mount). A droite, graphe montrant la correction de l'atténuation de ce signal grâce au pipeline développé dans cette étude (MCorr versus Raw data).

Références :

Kelemen A., Uyttewaal M., Máthé C., Andrey P., Bouchez D., Pastuglia M. (2025) New Phytologist (247), 3010 - 3023.

Structure de pâtes sans gluten optimisées nutritionnellement : distribution spatiale des constituants majeurs à l'échelle microscopique

Putois Aurélie^{1*}, Pinel Pauline¹, Robert Mélina¹, Bourlieu Claire¹, Barron Cécile¹, Micard Valérie¹

¹ : IATE, Univ Montpellier, INRAE, Institut Agro, Montpellier, France

aurelie.putois@inrae.fr

La microstructure des pâtes alimentaires est un des facteurs qui peut expliquer certaines propriétés culinaires ou nutritionnelles. L'agencement des constituants à l'échelle micrométrique est évalué par des observations microscopiques de coupes de pâtes après coloration. Une triple coloration a été optimisée afin de mettre en évidence de façon concomitante l'amidon, les protéines et les structures fibreuses. L'intérêt de cette coloration est discuté pour la caractérisation de pâtes mixtes à base de farines de teff, niébé et feuilles d'amaranthe en regard de pâtes à base de blé dur de différentes teneurs en fibres. Cette caractérisation structurale est ensuite mise en regard avec les différences de propriétés culinaire et nutritionnelles des différents systèmes de pâtes étudiés.

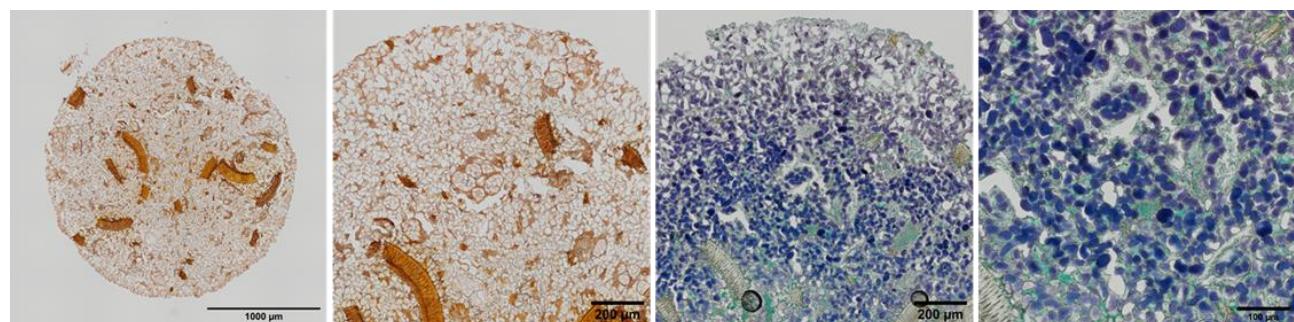


Figure 1 : Pâte au niébé, coloration acridine orange/ rouge congo (1,2) et fast green lugol (3,4)

Références :

- Pinel et al. (2024), LWT, Volume 211
- Pinel et al. (2024), LWT, Volume 197
- Pinel et al. (2025), Food Research International, Volume 208 (116100)



Aurélie Putois, Technicienne de laboratoire à l'UMR IATE

Deep-UV label free imaging for Lipid Droplets: overcoming the limits of fluorescence microscopy

Rapoport David^{1,2}, Dao Ousmane¹, Faure Jean-Denis¹, Fontaine Florent¹, Froissard Marine¹, Chauvet Hugo², Jamme Frédéric²

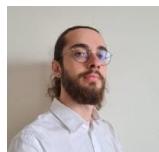
(1) IJPB, INRAE, Versailles (2) DISCO, SOLEIL, Saint-Aubin

david.rapoport@inrae.fr

In cells, neutral lipids (triglycerides and sterol esters) are stored in small organelles called Lipid Droplets (LDs), present in all organisms. Over the past few years, it has appeared that they are also involved in many cellular pathways, as stress response, signalling, or even targets of some pathogens. Their study has now become an important field [1]. But internal organization of lipids in LDs and protein/LD interaction are poorly understood. Among the methods used to study them, imaging occupies a central place as it allows the researcher to directly visualize the position of the LD in the cell thanks to fluorescent tags: BODIPY, Nile Red, DPH that directly target the lipids, or GFP and RFP tags on the proteins associated to LDs. However, these methods are harmful for the LD dynamics and can alter chemical and physical characteristics or the protein structures and functions. Here, we present a new imaging approach using Synchrotron Deep-UV illumination, enabling label free imaging of LDs without the need of any fluorescent tag [2]. This is made possible by the non fluorescent and highly absorbent properties of lipids at 275nm, a low wavelength beam provided by Synchrotron installation. This low wavelength also provides better spatial resolution. Our method allows imaging of LDs in their most native environment revealing new clues about their internal structure and dynamics.

Références :

- [1] Olzmann, J.A., Carvalho, P., 2019. Dynamics and functions of lipid droplets. *Nat. Rev. Mol. Cell Biol.* 20, 137–155. <https://doi.org/10.1038/s41580-018-0085-z> [2] Jamme, F., Cinquin, B., Gohon, Y., Pereiro, E., Réfrégiers, M., Froissard, M., 2020. Synchrotron multimodal imaging in a whole cell reveals lipid droplet core organization. *J. Synchrotron Radiat.* 27, 772–778. <https://doi.org/10.1107/S1600577520003847>



David, en 2ème année de thèse à l'IJPB (INRAE Versailles) au sein de l'équipe DECLIC. Mon travail porte sur l'étude des interactions entre protéines virales et gouttelettes lipidiques en système hétérologue

Localisation spatiale 2D et 3D de microsphères de polyéthylène chez la moule par techniques synchrotron

Camille Rivard^{1,2*}, Nawel Belkessa², Alexandre Dehaut³, Charlotte Himber³, Guillaume Duflos³, Jonathan Perrin², Hubert Chevreau² and Marie-Hélène Ropers⁴

1 INRAE, TRANSFORM, 44300 Nantes, France. ; 2 Synchrotron SOLEIL, 91190 Saint-Aubin, France

3 ANSES, LSAI, Unité Sanaqua, 62200 Boulogne-sur-Mer, France ; 4 INRAE, BIA, 44300 Nantes, France.

camille.rivard@synchrotron-soleil.fr

Le polyéthylène (PE) est l'un des contaminants microplastiques les plus abondants trouvés dans les espèces marines. Des composés métalliques sont souvent associés aux plastiques pour leur conférer des propriétés comme la couleur pour le dioxyde de titane (TiO_2) ou peuvent s'adsorber au cours du cycle de vie des plastiques, en milieu aquatique notamment. Nous avons tiré profit de la présence de titane (Ti) associé à du PE pour localiser des microsphères de PE dans des moules exposées à ces microsphères. La distribution du Ti mais également les distributions des éléments constitutifs du tissu animal (P, S, Cl, Ca, K) sont obtenues sur des cryo-coupes de moule entière avec une résolution spatiale de 3 μm , par cartographie de fluorescence X sur la ligne de lumière LUCIA au Synchrotron SOLEIL. La méthode est suffisamment sensible pour détecter avec un fort contraste toutes microsphères ou fragments et pour discriminer du Ti dans les microsphères de PE de particules du Ti venant d'autres contaminations.

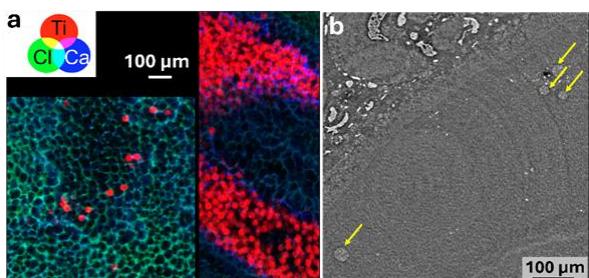


Figure 1a : Cartographie de fluorescence X sur une coupe cryogénique de moule, montrant les microsphères en rouge (Ti), le Cl en vert et le Ca en bleu. b. Slice virtuelle obtenue par tomographie X ; les flèches indiquent les microsphères.

La distribution spatiale 3D des microsphères de PE sur la moule entière, sans aucune coupe physique de l'échantillon, a été obtenue par tomographie par rayons X sur la ligne ANATOMIX avec une résolution spatiale de 1.5 μm . Les microsphères sont observées dans différentes zones du tractus digestif (figure 1b). En segmentant les microsphères sur l'ensemble du volume de la moule, il sera ensuite possible d'obtenir un bilan de matière sur la répartition et la quantité de microsphères de PE dans les différents compartiments digestifs de la moule.



Ingénierie recherche INRAE, mise à disposition au synchrotron SOLEIL, une de mes missions est de faciliter l'accès des équipes de recherche INRAE au synchrotron SOLEIL. Je travaille sur la ligne de lumière LUCIA, dédiée à l'imagerie par fluorescence X (distribution spatiale des éléments) et à la spectroscopie d'absorption X (spéciation des éléments).

Marquage métabolique par « click-chemistry » pour l'étude de la dynamique des pectines de la paroi cellulaire végétale

Marc Ropitaux^{1,2*}, Quentin Hays¹, Aurélie Baron³, Laura Fourmois³, Isabelle Boulogne¹, Boris Vauzeilles³, Patrice Lerouge¹, Jean-Claude Mollet¹, Arnaud Lehner¹.

¹Université de Rouen Normandie, GLYCOMEV UR 4358, SFR Normandie Végétal FED 4277, Innovation Chimie Carnot, GDR Chemobiologie, IRIB, F-76000 Rouen; ²Université de Rouen Normandie, INSERM US 51, CNRS UAR 2026, HeRacLeS- PRIMACEN, Euro-BioImaging, Innovation Chimie Carnot, F-76000 Rouen;

³Université Paris-Saclay, CNRS, Institut de Chimie des Substances Naturelles, UPR 2301, 91198, Gif-sur-Yvette.

marc.ropitaux1@univ-rouen.fr

L'expression de protéines fusionnées à des protéines fluorescentes est couramment utilisée en biologie cellulaire pour étudier la localisation et le trafic des protéines dans des cellules vivantes. Malheureusement, cette stratégie d'imagerie n'est pas applicable aux glycanes, car ces polymères ne sont pas directement codés par le génome. En effet, les glycans complexes résultent d'ajouts et/ou de retraits séquentiels de monosaccharides par des glycosyltransférases et des glycosidases du mécanisme biosynthétique de la cellule. Actuellement, l'imagerie des polymères de la paroi cellulaire repose principalement sur l'utilisation d'anticorps ou de colorants qui présentent des spécificités variables. De plus, l'immunolocalisation nécessite généralement la fixation des échantillons, elle ne permet donc pas d'accéder à la dynamique des cellules vivantes. Nous présentons ici le développement d'un marquage métabolique par « *click-chemistry* » du domaine pectique rhamnogalacturonane-II pour lequel il n'existe aucun anticorps conventionnel. Cette technique repose sur la cycloaddition bioorthogonale très efficace, physiologiquement compatible et hautement selective entre un sucre azide et un rapporteur fluorescent cyclooctène. Cette méthode offre la possibilité de visualiser les sucres métaboliquement incorporés dans la paroi cellulaire de cellules viables et en croissance afin de pouvoir suivre la dynamique à long terme des polysaccharides extracellulaires marqués tels que le rhamnogalacturonane-II.

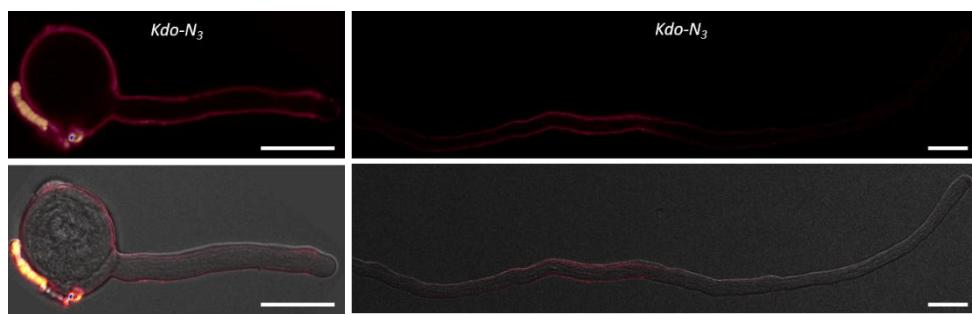


Figure 1: Dynamique des pectines au cours de la croissance du tube pollinique de *Nicotiana tabacum* par marquage métabolique du rhamnogalacturonane-II via l'incorporation du Kdo-N₃. Échelle : 25 µm.

Références :

- [1] Marc Ropitaux, Quentin Hays, Aurélie Baron, Laura Fourmois, Isabelle Boulogne, Boris Vauzeilles, Patrice Lerouge, Jean-Claude Mollet, Arnaud Lehner (2022), *The Plant Journal*, 110, 916–924.

Biographie : Maître de conférences depuis septembre 2022, nos travaux au sein de l'axe Glycomolécules et croissance du laboratoire GlycoMEV UR4358 (Glycobiologie et Matrice Extracellulaire Végétale) sont tournés, en autres, vers le développement de nouvelles techniques et méthodes d'imagerie afin de mieux comprendre et visualiser la biosynthèse, la déposition et le remodelage des constituants de la paroi cellulaire végétale.

Deep-tissue live-imaging with multi-photon microscopy

Ton Timmers¹, Sandra Bensmihen² and Clare Gough²

1. Presenting author. Central Microscopy, Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Carl-von-Linné-Weg 10, 50829 Cologne, Germany
2. Laboratory of Plant-Microbe Interactions and Environment (LIPME), University Toulouse III, INRAE, CNRS, 31326 Castanet-Tolosan Cedex, France

timmers@mpipz.mpg.de

The use of fluorescent proteins in plant research allows the study of cellular processes in living plant tissues and has increased our knowledge of cellular functioning enormously in the last 2 decades. The fluorescent markers are localised and analysed by sophisticated fluorescent microscopy systems of which point scanning confocal microscopy is most widely used. Other systems are light sheet microscopy, spinning disk confocal microscopy and rescan confocal microscopy. All these microscopes are optical sectioning systems using laser light for excitation. This guarantees precise specific excitation of fluorescent markers within plant organs. Unfortunately, in most living plant organs, fluorescent signals can only be registered from cell layers that are on the periphery of the organ, and deeper cell layers are not accessible. Only in thin roots, like those of *Arabidopsis thaliana* with only one cortical layer, can inner tissues be studied. In other plant species with thicker roots and in shoots of all plant species, only the peripheral cell layers are amenable to imaging with fluorescence microscopes. Even if the laser light reaches the inner layers the emitted fluorescent signal is diffracted and reflected by the plant cell wall which results in very poor image quality from the inner cell layers of living plant organs. Recently developed clearing protocols of whole plant organs overcome the problem of poor image quality from deep cell layers in almost all plant organs from many plant species. Clearing requires chemical fixation prior to clearing and thus, excludes live cell imaging. For a complete picture of the early cortical steps of the symbiotic interaction between *Medicago truncatula* and its microbial symbiont, *Sinorhizobium meliloti*, and to study cellular processes inside later stage nodules, live cell imaging is required. We developed a protocol combining the expression of strong plasma membrane and cell wall located fluorescent markers with multi-photon fluorescence microscopy for the study of cellular processes deep within living plant organs. We tested several strong promoters and a number of bright fluorescent proteins and imaged the localisation with multi-photon confocal microscopy. We obtained high quality images from all cell layers of living roots and deep inside living nodules. In addition, long-term live imaging was possible with very little photobleaching.



Thèse à l'université agricole à Wageningen aux Pays Bas sur l'embryogenèse végétale, soutenu en Mars 1993. Stages postdoctorals à l'université libre à Amsterdam aux Pays Bas sur le transport nucleo-cytoplasmique des protéines ribosomales entre 1992 et 1995. Plusieurs stages postdoctorals à INRA Toulouse sur la nodulation chez *Medicago truncatula*. Responsable de la plateforme microscopie du MPIZ à Cologne en Allemagne à partir du 2016.



Le biofonctionnement des sols via leurs microstructures : une approche en microscopie électronique à transmission

Françoise Watteau

UMR, Laboratoire Sols et Environnement, INRAE, Université de Lorraine, Vandoeuvre-lès-Nancy, France.
francoise.watteau@univ-lorraine.fr

La microscopie électronique à transmission (MET) permet de caractériser morphologiquement ou analytiquement les microstructures organiques et minérales du sol (Figure 1). Les informations obtenues précisent ainsi de nombreux processus pédogénétiques : dynamique des matières organiques en terme de dégradation ou récalcitrance, colonisation et activité microbienne au sein des matières organiques du sol, dynamique des associations organo-minérales, disponibilité des éléments fertilisants ou polluants[1,2]. En utilisant des protocoles adaptés, la MET peut s'appliquer aux micro-environnements particulièrement réactifs comme l'interface racine/sol, les agrégats 0-20 µm ou les boulettes fécales de la faune du sol (ex : turricules de vers de terre), ou bien encore à la détection/localisation d'éléments spécifiques naturels (i.e. : amendements) ou de synthèse (i.e. micro-plastiques). Ainsi de nombreuses problématiques touchant à l'impact de diverses anthropisations sur le biofonctionnement du sol peuvent être suivies par cette approche en milieu agricole, forestier, industriel ou urbain : i.e. activité rhizosphérique, impact d'apport de compost sur la dynamique du carbone dans le sols, dynamique des associations éléments-matières organiques végétales, genèse des associations organo-minérales stables dans des sols construits... Associées aux micro-analyses (EDX, EELS, nano-sims) ou aux fractionnements biochimiques des matières organiques, les caractérisations morphologiques précisent *in situ* les cycles biogéochimiques des éléments. Il n'en reste pas moins que cette approche n'est pas utilisée de façon standard en raison de la méthodologie (temps, coût) et de l'expertise nécessaires. Le traitement d'images via le développement d'IA est dans ce sens une perspective prometteuse (i.e. reconnaissance d'artéfacts tels que les micro-plastiques au sein des micro-agrégats de sol).

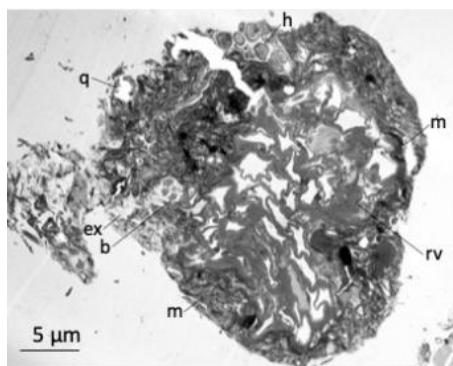


Figure 1 : un agrégat de sol
b : bactérie ; ex : exopolymère ; h : hyphe ; m :minéral ; q : quartz

Références :

- [1] Watteau F. and Villemin G. (2018), Frontiers in Environmental Science, 6 (106), 1-10.
- [2] Watteau F., Villemin G., Bartoli F., Schwartz C. and Morel J.L. (2012), Soil Biology Biochemistry, 4, 103-114.

Biographie : Micromorphologue des sols, je m'intéresse à la dynamique des associations organo-minérales en tant que révélatrice du biofonctionnement des sols.

Imaging of labile Fe²⁺ and Fe³⁺ in living *Arabidopsis thaliana* root

Carine Alcon¹, Arnaud Comte², Catherine Curie¹, Tou Cheu Xiong¹

¹Institute for Plant Sciences of Montpellier (IPSIM), Univ Montpellier, CNRS, INRAE, Montpellier, France

² Univ Lyon, Université Claude Bernard Lyon 1, Villeurbanne, France.

tou-cheu.xiong@inrae.fr

Iron (Fe) is an essential micronutrient for plant development. It is present in cells in the form of Fe³⁺ and Fe²⁺. Due to its redox properties, Fe is a vital cofactor in enzymes that drive essential processes such as photosynthesis and antioxidant responses. Several Fe transporters have been identified in different cell compartments suggesting that Fe is reallocated from the external environment to different locations within the cell. However, there is currently no method to visualize Fe distribution in living plant cells at a subcellular level. To overcome these limitations, we developed a method that uses specific fluorescent sensors to visualize Fe²⁺ and Fe³⁺ in the roots of both wild-type *Arabidopsis* and mutants with impaired Fe homeostasis [1]. This allows detection of labile Fe and its redox status in living cells. First results reveal heterogeneous distribution of Fe²⁺ and Fe³⁺ along the primary root, with distinct gradients for both forms. Confocal microscopy further enables visualization of Fe across different cell layers. In root epidermal cells, Fe appears to be polarized, which is consistent with the localization of the ferric reductase FRO2 and the high-affinity Fe transporter IRT1. Moreover, changes in Fe redox status upon external Fe supply can be monitored, highlighting dynamic fluxes in vascular tissues. In conclusion, the development of Fe sensors offers powerful tools for live-cell Fe localization, and further optimization will support future studies of Fe homeostasis across genotypes and growth conditions.

Références :

[1] Alcon C, Comte A, Curie C, Xiong TC. Imaging of labile Fe²⁺ and Fe³⁺ in living *Arabidopsis thaliana* roots. (2024) *Plant Physiol.*; 195(4):2520-2523. doi: 10.1093/plphys/kiae221.

Biographie :

Tou Cheu XIONG is a Research at INRAE (UMR IPSIM, Metal Mobility team). His work focuses on early signals of Fe nutrition in the plant model *Arabidopsis thaliana*. By combining Fe imaging, chemical and biophysical approaches, he explores the role of this micronutrient in regulating plant growth and development. His aim is to improve our understanding of the molecular mechanisms that sense and control the acquisition and distribution of Fe, which is an essential but often limiting factor for plant productivity



Posters plateforme

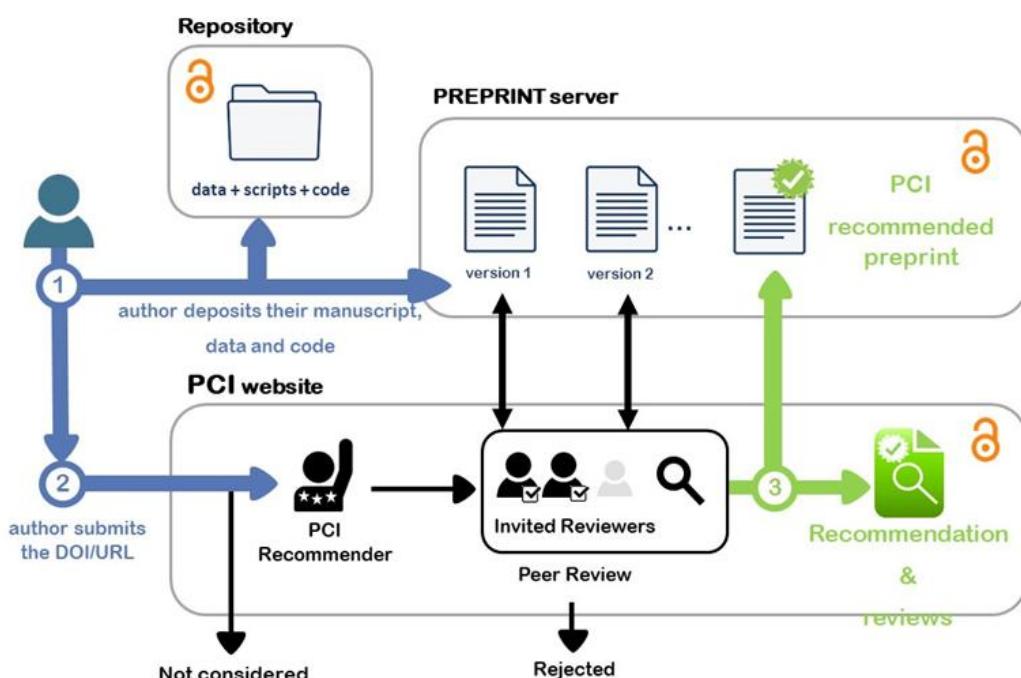
Peer Community In Plants

Grégory Mouille*

1 : IJPB, INRAE, Versailles, France

gregory.mouille.inrae.fr

PCI Plants is one of the communities of the parent project Peer Community In. It is a community of researchers in Plants dedicated to the recommendation of preprints publicly available from open archives (such as bioRxiv, arXiv, PaleorXiv, etc.), based on a high-quality peer-review process. This project was driven by a desire to establish a free, transparent and public scientific publication system based on the review and recommendation of preprints. More information can be found on the website of PCI Plants (<https://plants.peercommunityin.org/>) and front of our Poster !



La plateforme cytologie et imagerie de l'Observatoire du Végétal

Alice Vayssières^{*a}, Katia Belcram^a, Néro Borrega^a, Aurélie Dewaele^a, Bertrand Dubreucq^a, Aurélie Hurel^a, Alexandre Oudiné^a, et Samantha Vernhlettes^a

Université Paris-Saclay, INRAE, AgroParisTech, Institut Jean-Pierre Bourgin - Sciences du Végétal (IJPB), 78000 Versailles, France

*alice.vayssières@inrae.fr, responsable opérationnelle de la plateforme

La plateforme de cytologie et imagerie est une structure de l’Institut Jean-Pierre Bourgin-Sciences du Végétal (IJPB) localisée à Versailles, et intégrée dans un ensemble plus vaste permettant de cultiver, phénotyper et analyser les plantes : l’Observatoire du Végétal. La plateforme de cytologie et imagerie regroupe un ensemble unique d’expertises et d’instruments dédiés à la cytologie et à la microscopie des tissus, des cellules végétales et des compartiments subcellulaires. La plateforme a été pionnière dans le développement de nouvelles techniques d’étude du végétal spécialement dans l’imagerie du matériel vivant. Elle a notamment hébergé le développement d’outils d’acquisition de signaux fluorescents dans des organes en croissance (racine et hypocotyle). Un des grands challenges en imagerie est de quantifier les processus observés de manière reproductible. En collaboration avec une équipe de l’institut dont l’objectif est de développer de nouvelles méthodes pour visualiser, quantifier et modéliser les données de microscopie, des outils pour la segmentation de signaux ont été implémentés pour des travaux sur la division cellulaire et la dynamique des chromosomes. La plateforme a obtenu deux microscopes à super-résolution (dSTORM et STED). Ces microscopes vont permettre un gain en résolution pour la compréhension de mécanismes à l’échelle nanométrique pour l’observation, par les équipes de l’institut, de nanostructures, par exemple de la paroi, des chromosomes lors de la méiose et des filaments d’actine et des microtubules.



Plateforme MiMA2

La plateforme Microscopie et Imagerie des Microorganismes, des Animaux et des Aliments (MiMA2) créé en 2003, est une plateforme certifiée ISO 9001-2015, ouverte aux utilisateurs académiques et privés, cumulant une centaine de demandes de projet par an. MiMA2 est labellisée ISC par INRAE (Infrastructure Scientifique Collective), IBISA, répertoriée au sein de la GS Biosphera et dans le « Plug-in labs » de l’Université Paris-Saclay, ainsi que membre de l’infrastructure nationale France BiolImaging au sein du nœud IDF Sud.

MiMA2 est intégrée dans le centre de recherche INRAE IDF Jouy-en-Josas Antony (CRJJA) et regroupe des équipements et du personnel de quatre unités majeures du CRJJA: l’UMR 1319 MICALIS (MICrobiologie de l’ALimentation au service de la Santé), l’UMR 1198 BREED (Biologie de la Reproduction, Environnement, Epigénétique et Développement), l’UMR 1313 GABI (Génétique Animale et Biologie Intégrative) et l’UMR 0892 VIM (Virologie et Immunologie Moléculaires).

L’ISC MiMA2 est structurée en 4 pôles thématiques et techniques et allie des équipements et des expertises permettant d’analyser le vivant à plusieurs échelles : de l’organisme entier aux tissus et cellules jusqu’à leur ultrastructure cellulaire, et aux assemblages macromoléculaires.

Les domaines d’expertise vont de l’imagerie médicale des animaux (échographie et endoscopie sur grands et petits mammifères), à la microscopie photonique (*in vivo*, à haut-débit ou encore, après transparisation) et la microscopie électronique à transmission (MET) et à balayage (MEB), dont une partie des activités est en environnement contrôlé de biosécurité niveau L2.

MiMA2 dispose d’équipements permettant un panel d’exploration dans l’imagerie 3D à différentes échelles : en électronique, via l’Array-Tomography, en photonique grâce à la transparisation d’organes et la microscopie en feuille de lumière, au confocal, via l’imagerie 3D + temps et à haut-débit (HCS), en imagerie médicale, grâce à l’échographie haute-résolution.

Le personnel de l’ISC MiMA2 est composé de 9 ITA : 3 Ingénieurs de recherche, 2 Ingénieurs d’étude, 1 Assistante-ingénieur, 3 Techniciens de recherche ainsi qu’une doctorante et 2 directeurs de recherche en appui à la direction scientifique de la plateforme.



Plateforme MRI

MONTPELLIER RESSOURCES IMAGERIE (MRI)

BiO Campus Montpellier
Montpellier Resources Imagerie

Presentation
MRI is a multi-site technological facility of Biocampus that offers equipments and expertise in light and electron microscopy, screening, RX tomography, flow cytometry and image analysis.

Trainings:
Individual, Biocampus workshops, University
Certified ISO 9001 NFX 50-900

The team

Advanced techniques

- Widefield microscopy**
 - Brightfield, phase contrast, Hoffman, DIC, polarized light
 - Tile-scan
 - Live-cell imaging
 - TIRF microscopy
 - FRAP, photoactivation/conversion
- Slide Scanning**
 - Brightfield and fluorescence images
- Spinning disk microscopy**
 - Fast live-cell imaging
 - Tile-scan
 - FRAP, photoactivation
- Laser scanning confocal microscopy**
 - Live-cell 3D imaging
 - Tile-scan FRAP, photoactivation
 - Spectral Imaging

Light Microscopy

High Resolution Microscopy

- Thunder (Widefield)**
Computational clearing, deconvolution
- SoRa (spinning)**
- AiryScan (confocal)**
Mode SR, Multiplex (4Y - 8Y)
- Deltavision OMX 3D-SIM**
- STED**
- PALM/dSTORM (Widefield)**

Light Sheet Microscopy

- SPIM**
3D imaging for multi-size samples
Live or cleared samples
- Lattice Light Sheet**
 - Fast 3D live imaging

In-depth Microscopy

- Multiphoton microscopy
- Serial Block Face (coupled to vibratome)
- Label free imaging (SHG, THG)

EM4Bio: Electron Microscopy for Biology

SEM-Volutome (serial block face)

- Automated 2D and 3D imaging at nanometer resolution
- Ultrastructure at cellular and tissular level

Image processing and analysis

Automate analysis
Develop custom solutions

- Colocalization
- Cell morphology
- Filament tracing
- Tracking
- Cell lineage
- Object counting
- ...

Machine and deep learning approaches

High content screening (HCS)
Automated widefield and spinning disk microscopes

- Live preview and tile-scans
- Cell scoring multi-channel
- Multiparametric analysis

X-ray tomography

EasyTom 150

- Bone imaging and extraction of internal structures of interest
- Reconstruction of fossils
- Comparative morphological analysis (Morphometric Geometry)

Partners: ELLI-ELI-BIOIMAGING, FRANCE-BIOIMAGING, QUAREP-LiMi, ImaBio, IBiSA, INRAE

PicPlant : l'imagerie des plantes « in situ »

Carole Gauron^{*1}, Daphné Autran¹, William Ribière², Pierre Serin¹

1UMR DIADE, IRD Montpellier, France ; 2: Service Patrimoine & Logistique, IRD Montpellier, France

carole.gauron@ird.fr

L'imagerie des cellules et des tissus végétaux vivants peut être perturbée par le transfert des échantillons entre différents sites. La plateforme d'imagerie PicPlant, située dans les serres expérimentales de l'IRD de Montpellier, met à disposition de la communauté scientifique un outil permettant des observations en microscopie confocale et stéréomicroscopie à proximité immédiate de chambres de culture dont la régulation climatique est finement contrôlée. Ainsi, PicPlant est principalement dédiée à l'étude de la réponse des plantes aux changements de l'environnement. Les équipements qui ont été rassemblés en un site unique en font un outil flexible permettant l'utilisation d'un large spectre d'espèces (de petite et grande taille, modèles ou non) pour contribuer à élucider de multiples questions biologiques : morphogénèse, signalisation, métabolisme, épigénétique, adaptation au stress. Cette plateforme, dont les équipements de microscopie sont intégrés au réseau Montpellier Ressources Imagerie MRI, est gérée par l'UMR DIADE.



Aperçu de la plateforme PicPlant

Biographie : J'ai rejoint l'IRD de Montpellier en 2019, à l'occasion d'une mobilité interne, et suis aujourd'hui ingénierie d'étude en imagerie des plantes. Je gère un plateau d'histologie/microscopie à l'échelle de l'UMR DIADE, un plateau de microscopie à l'échelle montpelliéraine (MRI-PHIV-DIADE) et depuis cette année, la plateforme PicPlant qui fait l'objet de ce poster.

Le Réseau Imagerie des Sols de l'INRAE

Laurie Amenc¹, Clémentine Chirol², Marine Lacoste³, Françoise Watteau^{4*}

1 : UMR Eco&Sols, INRAE, Montpellier, France

2 : UMR Ecosys, INRAE, Université Paris-Saclay, Versailles-Saclay, France

3 : UR Info&Sols, INRAE, Orléans, France

4 : UMR, Laboratoire Sols et Environnement, INRAE, Université de Lorraine, Vandoeuvre-lès-Nancy, France

francoise.watteau@univ-lorraine.fr

Le Réseau Imagerie des Sols, RIS, vise à fédérer un collectif autour du partage de compétences et d'informations sur l'objet Sol via l'imagerie. Un des objectifs de ce réseau est de prendre en compte les dimensions 2D/3D de l'organisation spatiale des sols dans le but de comprendre différents processus et fonctions dans les sols et permettre ainsi la valorisation de travaux d'imagerie des sols à l'échelle nationale.

Créé en 2022 sous l'initiative du département INRAE AgroEcosystem, le réseau rassemble actuellement 74 adhérents - chercheurs, ingénieurs, techniciens, doctorants et post-doctorants - pour échanger autour des techniques d'imagerie et de leur mise en œuvre. Reflétant la diversité thématique et méthodologique des adhérents, un annuaire de compétences et d'outils relatifs sera prochainement accessible sur le site du réseau (<https://reseau-imagerie-sols.hub.inrae.fr/le-reseau>).

Des animations scientifiques sont régulièrement organisées par les animatrices du réseau : session Sols en collaboration avec les Réseau des Microscopistes de l'INRAE lors des JST de 2023, webinaire 2024 sur l'utilisation de vidéos 3D de visualisation de réseau de pores, webinaire 2025 sur la tomographie X et son utilisation dans les sols. Le prochain webinaire (21/11/25) portera sur l'alignement et le recalage d'images. Ces animations sont proposées à toute personne concernée par les thématiques sols et par les techniques d'imagerie.

Rejoignez-nous !



Contact RIS : reseau-imagerie-sols-anim@inrae.fr



14^{ème} Journées Scientifiques et Techniques du Réseau des Microscopistes INRAE -5-7 novembre 2025 – Versailles

TO HELP YOU MAKE “TRANSPARISATION” AN EFFECTIVE TOOL

Katia Belcram, Chloé Chaumeton, Romina D’Angelo, Laurence Dubreil, David Godefroy, François Michel, Matthieu Simion, Jérémie Teillon

Our working group’s aim is to help the community discover the extraordinary potential of "transparisation" techniques and to make clearing less "opaque". We carry out different actions and pay particular attention on subjects & samples transversality (from methodology up to data management; from tissues-organs up to *in toto* organisms including plants). Our main actions are :

- to establish tutorials ("Beginner's Kit") and " Experts Interactive Map" shared online
- to promote, with the participation of recognized specialists in the field, thematic days
- to organize training sessions on the Clearing approaches, microscopes and mounting strategies depending on the type of the samples and 3D images processing
- to inform and discuss about new developments in this field

