



HAL
open science

Unité mixte de recherche de génétique végétale

Rapport Hcéres

► **To cite this version:**

Rapport d'évaluation d'une entité de recherche. Unité mixte de recherche de génétique végétale. 2009, Université Paris-Sud. hceres-02032151

HAL Id: hceres-02032151

<https://hal-hceres.archives-ouvertes.fr/hceres-02032151>

Submitted on 20 Feb 2019

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

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



agence d'évaluation de la recherche
et de l'enseignement supérieur

Section des Unités de recherche

Rapport d'évaluation

Unité de recherche :

Génétique Végétale (URGV du Moulon)
de l'Université Paris 11



mars 2009



agence d'évaluation de la recherche
et de l'enseignement supérieur

Section des Unités de recherche

Rapport d'évaluation

Unité de recherche :

Génétique Végétale (URGV du Moulon)
de l'Université Paris 11



Le Président
de l'AERES

Jean-François Dhainaut

Section des unités
de recherche

Le Directeur

Pierre Glorieux

mars 2009



Rapport d'évaluation

L'unité de recherche :

Nom de l'unité : unité mixte de recherche de génétique végétale (Le Moulon)

Label demandé : Unité mixte multi-organismes

N° si renouvellement : UMR_A 320 ; UMR 8120

Nom du directeur : M. Dominique de VIENNE

Université ou école principale:

Université Paris 11

Autres établissements et organismes de rattachement:

AgroParisTech

INRA

CNRS

Date(s) de la visite:

10 et 11 décembre 2008



Membres du comité d'évaluation

Président:

M. Jacques JOYARD, CNRS, Grenoble

Experts :

M. David FELL, Oxford Brookes University, UK

Mme Myriam FERRO, CEA, Grenoble

M. Jérôme Goudet, Université de Lausanne, Suisse

M. Alain VIARI, INRIA, Grenoble

Expert(s) représentant des comités d'évaluation des personnels (CNU, CoNRS, CSS INSERM, représentant INRA, INRIA, IRD.....) :

Mme Judith BURSTIN, CSS INRA

Mme Deborah GOFFNER, CoNRS

M. Eric WAJNBERG, CNU

Observateurs

Délégué scientifique de l'AERES :

M. Alain PUGIN

Représentant de l'université ou école, établissement principal :

M. Guy COUARRAZE, VPCS de l'université Paris-11

M. Michael DUBOW, chargé de mission SDV auprès de Mme la Présidente de l'université Paris-11

M. Loïc MORIN, Université Paris 11

Représentant(s) des autres tutelles de l'unité :

Mme Dominique EXPERT, représentant le DS du Département des Sciences de la Vie du CNRS

Mme Marianne LEFORT, Directrice Scientifique d'AgroParisTech

Mme Hélène LUCAS, chef du département GAP de l'INRA



Rapport d'évaluation

1 • Présentation succincte de l'unité

L'UMR de génétique végétale du Moulon joue un rôle important dans le développement de recherches à caractère générique dans les domaines de la génétique quantitative (modèles théoriques ou expérimentaux), la diversité et l'évolution de caractères quantitatifs choisis pour leur intérêt agronomique ou académique (caractères de croissance, de développement ou d'adaptation) et de la méthodologie de la sélection.

En 2005, l'UMR de génétique végétale du Moulon regroupait 36 personnels INRA (9 chercheurs et 27 ITA), 6 personnels CNRS (3 chercheurs et 3 ITA), 4 enseignants chercheurs de l'université Paris 11 et 4 enseignants chercheurs d'AgroParisTech (dont 1 PREM) auxquels s'ajoutaient 14 personnels non permanents (6 étudiants en thèse, 8 post-docs). En décembre 2008, il y avait dans l'unité 70 personnes, dont 19 chercheurs et enseignants-chercheurs (dont 9 sont titulaires -ou ont l'équivalence- de l'HDR), 14 doctorants et 7 post-docs. Tous les chercheurs et enseignants-chercheurs sont publiants. Les 4 IR sont également publiants.

Au cours du contrat en cours, 8 thèses ont été soutenues par des étudiants de l'UMR de génétique végétale (4 allocataires de recherche + 3 Bourses INRA-Région Languedoc-Roussillon + 1 ASC INRA). Tous ont publié, mais en général les soutenance de thèse ont eu lieu un peu après 3 ans de recherche. Trois de ces étudiants sont actuellement en stage post-doctoral, deux sont ATER et deux travaillent dans le secteur privé. Actuellement, 13 étudiants préparent leur thèse à l'UMR de génétique végétale (4 allocataires de recherche, 4 BDI CNRS avec un autre partenaire -INRA ou AgroParisTech- et divers autres financeurs : INRA, CIFRE, DGA ou Gouvernement indien).

2 • Déroulement de l'évaluation

Le Comité a travaillé à partir du rapport écrit de l'unité puis des auditions des responsables d'équipe lors de la visite. La visite s'est déroulée sur 2 jours. Elle a combiné des présentations par le directeur, par les responsables d'équipes et par le directeur de la station expérimentale, suivies de discussions, de la visite des plates-formes, puis de rencontres avec les membres de l'unité et les représentants des tutelles.

La durée des présentations était largement suffisante pour donner une bonne vision des travaux réalisés par chaque équipe. Les échanges avec les chercheurs ont été de qualité.

Les rencontres avec les personnels (ITA, thésards et post-docs, chercheurs) ont été très informatives pour comprendre le fonctionnement, les difficultés rencontrées et les inquiétudes quant à l'évolution du contexte général de la recherche et en particulier des partenariats entre les diverses tutelles.

Le travail de synthèse-discussion du comité en réunion restreinte s'est déroulé tout au long de la visite.

Dans le contexte partenarial qui est celui de l'unité, on ne peut que s'étonner que la lettre mission signée par le directeur de la section des unités de recherche de l'AERES ne reprenne que les objectifs fixés par le Département de Génétique et d'Amélioration des Plantes (DGAP) de l'INRA. Telle qu'elle est, la lettre de mission induit un biais au détriment des autres partenaires de l'unité. Le comité aurait souhaité que la lettre de mission précise les missions confiées à l'UMR de génétique végétale du Moulon par tous les partenaires, en particulier AgroParisTech, le département des Sciences de la vie du CNRS et l'Université Paris 11 qui, comme l'INRA, auraient dû faire parvenir à l'AERES les objectifs qu'ils avaient assignés à cette unité.



3 • Analyse globale de l'unité, de son évolution et de son positionnement local, régional et européen

L'UMR de génétique végétale du Moulon est une unité relativement ancienne dont l'objectif initial était le développement de la génétique quantitative. Cette unité a été mise en place par l'Institut National Agronomique, les autres partenaires (INRA, Université Paris-11, CNRS) ayant été intégrés pour permettre la diversification des objectifs scientifiques abordés par l'unité. Cette diversification s'est révélée payante puisqu'elle a conduit à la mise en place d'une unité de recherche très originale dans le paysage scientifique français, constituée de personnels d'origines diverses et aux missions complémentaires. Si l'unité développe en priorité des recherches fondamentales tant sur les espèces modèles (y compris microorganismes) que les espèces cultivées, elle a développé des approches plus finalisées conduisant à la création de nouvelles variétés de plantes cultivées (COV pour la lignée de maïs F364 au cours du présent contrat). L'UMR de génétique végétale du Moulon a été très largement soutenue dans cet effort par le programme Génoplante (Colza, Blé, Maïs, etc.), bien que les sommes apportées par le programme ANR Génoplante aient diminué ces dernières années. Il faut cependant souligner la grande diversité des financements contractuels obtenus par les chercheurs de l'unité : ANR Génoplante, programme non thématique, biodiversité, jeune chercheur, Cimmyt, Bureau des ressources génétiques, semences de demain, etc.

Ces approches confèrent à l'UMR de génétique végétale du Moulon un statut de référence dans le domaine de la génétique quantitative végétale. Dans ce contexte, on peut néanmoins s'étonner de la relative faiblesse des partenariats européens et plus généralement internationaux.

L'évolution de l'UMR de génétique végétale du Moulon au cours de ces dernières années a vu une bonne dynamique de recrutement par les divers partenaires, le développement de la modélisation quantitative (qui fournit une base théorique solide sur lesquelles peuvent venir s'appuyer des travaux de génétique végétale plus appliqués), ainsi que la montée en puissance des travaux de génétique quantitative sur les espèces cultivées (essentiellement grâce à Génoplante). Ainsi, à côté de l'analyse protéomique, la modélisation constitue désormais un nouvel outil fédérateur dans l'unité : dans ce domaine, certains thèmes de recherche émergents lors de la dernière évaluation sont désormais parmi les points forts de l'unité.

L'UMR de génétique végétale du Moulon est très bien implantée au niveau local et régional. Elle se positionne dans le domaine de la Biodiversité et l'écologie dans un réseau impliquant 4 unités sur les campus Gif/Orsay (Institut Diversité et Evolution du vivant). D'autre part, elle est une des 4 unités constitutives de l'IFR 87, La plante et son environnement. D'ailleurs, la direction de cet IFR sera prochainement assurée par un des membres de l'UMR de génétique végétale du Moulon. La plate-forme de protéomique mise en place dans l'unité est plate-forme de l'IFR. L'UMR de génétique végétale du Moulon fait aussi partie du réseau PLANTnet PARIS regroupant 13 unités de Biologie végétale relevant de 4 tutelles (INRA, CNRS, Université Paris 11, AgroParisTech) sur le sud de la région parisienne (Evry, Gif sur Yvette, Grignon, Orsay, Versailles). L'effectif total de ce réseau est actuellement d'environ 900 personnes, dont 600 permanents (70 chercheurs CNRS, 110 chercheurs INRA, 85 enseignants-chercheurs, 75 ITA CNRS, 230 ITA INRA, 45 IATOS) et 130 thésards. Ce réseau constitue le pôle thématique Sciences et Productions Végétales du PRES UniverSud Paris. Il donne une meilleure visibilité à la biologie végétale au niveau régional.

En terme de production scientifique au cours des 4 dernières années, on peut noter un total de 146 publications dans des revues diverses (Plant Cell, Proc Natl Acad Sci USA, PLoS Genet, PLoS Comput Biol, Plant Physiol, Plant J, Curr Opin Plant Biol, Proteomics, Maydica, Crop Sci. Euphytica, Bioinformatics, etc.) mais trop souvent spécialisées. Deux logiciels ont été déposés et un Certificat d'Obtention Végétale a été obtenu pour une lignée de maïs. En termes d'invitations à donner des conférences lors de congrès, le nombre est à peu près équilibré entre congrès nationaux (24 invitations) et internationaux (22 invitations). C'est donc un bilan très honorable (mais contrasté selon les équipes) que présente l'UMR de génétique végétale du Moulon. Néanmoins, le comité engage l'unité à être plus exigeante et à choisir plus souvent de soumettre ses manuscrits à des revues généralistes pour augmenter l'impact international de ses travaux.



4 • Analyse équipe par équipe et par projet

Appréciation de l'activité des équipes de l'UMR de génétique végétale du Moulon

Equipe Génétique quantitative fondamentale

L'équipe génétique quantitative fondamentale (GQF) est constituée de 3 professeurs et 1 MCF Paris XI, 1 chercheur INRA, 2 ITA (CNRS & INRA) ; 4 thésards (dont 2 en cours) et 3 post-docs au cours du contrat. Les travaux de l'équipe GQF s'intéressent à la relation génotype-phénotype. Par la mise en œuvre d'expérimentations guidées par la théorie, d'une modélisation quantitative et l'ampleur du spectre couvert (du gène ou de la protéine jusqu'à l'organisme), le programme de recherches de cette équipe relève très clairement de la Biologie systémique. En dépit de la nature très fondamentale du travail et de l'utilisation de microorganismes modèles, ces activités demeurent parfaitement intégrées au reste de l'unité. Elles fournissent en effet, une base théorique solide sur lesquelles peuvent venir s'appuyer des travaux de génétique végétale plus appliqués.

L'analyse du lien entre l'activité enzymatique et le fonctionnement du métabolisme et, plus spécifiquement, la stratégie métabolique globale chez la levure, est très originale et unique. Elle permet en effet de lier élégamment la biochimie et les bases moléculaires de phénomènes génétiques comme l'épistasie et l'hétérosis à l'évolution. Par ailleurs, le travail théorique concernant la relation entre la robustesse et l'adaptabilité des réseaux a d'ores et déjà fourni d'intéressants résultats et s'avère très prometteur. Les perspectives proposées sont fondées sur l'expérience acquise au cours des quatre dernières années et l'étendent de manière pertinente. Elles entrent parfaitement dans les compétences reconnues de l'équipe.

La production scientifique de l'équipe est très bonne (PLoS Genet, PLoS One, PLoS Comput Biol., Proc Natl Acad Sci USA, Genetics, J Mol Evol, New Phytol, Annals Bot, Am J Bot, Plant Breeding, etc.). Il est donc un peu surprenant que ceci ne se soit pas encore traduit par une visibilité internationale du même niveau. Cette situation est sans doute en partie due aux difficultés de mener une recherche originale à l'interface entre différentes disciplines biologiques. Le Comité recommande néanmoins de développer une stratégie visant à augmenter cette visibilité, par exemple, par une participation accrue aux conférences internationales plus réceptives aux approches interdisciplinaires, comme celles relevant de la Biologie systémique.

Note de l'équipe	Qualité scientifique et production	Rayonnement et attractivité, intégration dans l'environnement	Stratégie, gouvernance et vie du laboratoire	Appréciation du projet
A+	A+	A+	NN	A+

Equipe Génétique quantitative moléculaire & protéomique

L'équipe Génétique quantitative moléculaire & protéomique (GQMP) regroupe 2 chercheurs permanents (1 DR CNRS, 1 CR INRA), 2 TR INRA ainsi que 1 thésard et 2 post-doc (ainsi qu'un ingénieur en sabbatique pour 1 an) sur la durée du contrat actuel. Il est à noter que le responsable de l'équipe consacre une partie (20%) de son temps à la direction de la plate-forme de protéomique de l'IFR 87.

L'équipe GQMP cherche à comprendre les réponses du maïs à un déficit hydrique. La démarche choisie consiste à identifier de nouvelles protéines candidates en utilisant, comme outil de base la protéomique. Diverses comparaisons de protéomes/ transcriptomes sont réalisées, certaines assez traditionnelles (comparaisons entre différentes zones des feuilles lors d'une cinétique de sécheresse puis de réhydratation, comparaisons entre sur-expresssurs du gène VP14 potentiellement impliqués dans la synthèse d'ABA et plantes sauvages, etc.), et d'autres beaucoup plus originales (comparaisons entre lignées recombinantes ayant permis la détection d'un QTL de réponse à la croissance foliaire en condition de sécheresse). Si les données protéomiques ainsi obtenues sont abondantes et ouvrent de nombreuses pistes potentiellement intéressantes, il est néanmoins regrettable que très peu de ces résultats soient, à ce jour, valorisés par des publications. En effet, quatre articles ont été



publiés depuis quatre ans, dont seulement deux en relation directe avec le sujet traité (Plant Physiol, Plant Physiol Biochem). Ceci est notoirement insuffisant et, en tout état de cause, ne reflète pas la réalité du travail effectivement fourni. Cette situation s'explique sans doute en grande partie par l'investissement très fort de l'équipe de recherche dans la plateforme de protéomique. De ce fait, mais aussi en raison de la présentation assez succincte qui a été faite des résultats de l'équipe dans le rapport et à l'oral, il reste difficile de se faire une idée précise quant aux avancées conceptuelles dans la compréhension de la réponse du maïs à la sécheresse, apportées par ces travaux.

Un autre volet du travail de l'équipe concerne l'analyse fonctionnelle du gène ZmASR1, identifié lors du dernier contrat quadriennal et dont le rôle demeure inconnu. En collaboration avec Biogemma, des plantes de maïs sur-exprimant ou sous-exprimant ZmASR1 ont été produites. Ici également, des comparaisons protéomique/transcriptomique entre mutant/sauvage ont été effectuées, mais ces résultats demeurent malheureusement encore sous-exploités à la fois sur le plan de la production scientifique et sur le plan conceptuel. La poursuite de l'étude de ZmASR1 est prévue dans le projet proposé par l'équipe et devrait permettre la concrétisation de ce volet dans un avenir proche. Ceci est d'autant plus important que la production scientifique du jeune chercheur impliqué dans ce projet doit être une priorité pour l'équipe comme pour l'unité. Or, nous n'avons pas relevé qu'il y ait de publications communes aux deux chercheurs de l'équipe.

En ce qui concerne le projet de l'équipe, le comité s'étonne d'une part que l'analyse fonctionnelle de certaines des protéines candidates identifiées n'y figure pas, et d'autre part que l'étude soit en revanche étendue à la comparaison protéomique/transcriptomique d'autres organes (i.e., avortement de grains) ou d'autres mécanismes (oxydation des protéines) de réponses de la sécheresse. Le Comité souhaite donc attirer l'attention sur le risque de dispersion, situation particulièrement délicate compte tenu de la faible masse critique de l'équipe. De plus, les deux chercheurs sont également fortement engagés par ailleurs, soit concrètement (plate-forme protéomique) soit dans le cadre d'un autre projet (signalisation des lipides lors du stress biotique).

De ce fait, il nous semble difficile de penser que l'équipe réussisse à tout mener à bien, à savoir la valorisation des résultats déjà obtenus (qui doit être la priorité) et la mise en œuvre des projets annoncés, tout en maintenant ses engagements forts par ailleurs.

Pour conclure, l'équipe GOMP doit s'engager dès à présent, et en concertation avec la direction de l'unité, dans une réflexion approfondie sur son fonctionnement, ses priorités, son positionnement et son organisation par rapport aux trois défis auxquels elle cherche à faire face, à savoir :

- Le développement de problématiques scientifiques propres aboutissant à la valorisation des résultats obtenus par des publications dans de bons journaux scientifiques ;
- Le développement d'une expertise forte dans le domaine de la protéomique quantitative ;
- L'activité de plate-forme au service de la communauté.

Note de l'équipe	Qualité scientifique et production	Rayonnement et attractivité, intégration dans l'environnement	Stratégie, gouvernance et vie du laboratoire	Appréciation du projet
C	C	C	NN	C

Equipe Génétique évolutive : adaptation & redondance

L'équipe Génétique évolutive : adaptation & redondance (GEAR) est constituée de 3 chercheurs CNRS (DR & CR, dont 1 récemment recrutée), 3 enseignants-chercheurs (1 Professeur AgroParisTech, 2 MCF -AgroParisTech & Paris 11) et 3 ITA (dont un jusqu'à fin 2007), 3 thésards et 2 post-docs participent ou ont participé aux travaux durant le contrat actuel ; 1 chercheur INRA vient de partir en retraite.

L'équipe GEAR s'intéresse à l'évolution et à la redondance de gènes (familles multigéniques) ou de génomes (polyploidie) à différentes échelles de temps. La diversité des modèles biologiques considérés et des cultures scientifiques des membres de l'équipe permet de répondre avec originalité aux questions biologiques posées : (1) l'émergence de la symétrie florale, un caractère central dans l'évolution de la fleur, avec les eudicots



basales, (2) l'effet de la sélection anthropique sur des gènes impliqués notamment dans la qualité du grain avec le maïs et son ancêtre la téosinte et (3) l'évolution de l'expression génique suite au phénomène d'allopolyploidie, fréquent dans l'avènement des espèces cultivées, avec les Brassicacées. Cette diversité de modèles peut faire craindre une dispersion de l'équipe, notamment en raison du fait que le modèle biologique utilisé pour le sujet concernant la symétrie florale n'est pas partagé par les autres équipes de l'unité. Cependant, cette diversité de modèles est compensée par le partage partiel de concepts et d'outils communs (phylogénie moléculaire, protéomique). Elle semble de fait favorable à la fois à la production scientifique qui est bonne et à l'émergence de nouvelles thématiques (épigénétique).

La production scientifique est bonne (Plant Physiol, Genetics, Proteomics, Plant Mol Biol, Cur Opin Plant Biol, Theor Appl Genet, J Mol Evol, Ann Bot, BMC Genomics, Funct Plant Biol, etc.). Les collaborations nationales et internationales se poursuivent. La visibilité internationale de l'équipe devrait toutefois être amplifiée notamment par des communications invitées dans des congrès internationaux et par la publication d'articles scientifiques dans des revues généralistes à plus fort facteur d'impact. Le projet est convaincant mais pourrait être gagné à quantifier plus directement la valeur sélective des innovations étudiées.

Note de l'équipe	Qualité scientifique et production	Rayonnement et attractivité, intégration dans l'environnement	Stratégie, gouvernance et vie du laboratoire	Appréciation du projet
A	A	A	NN	A

Equipe Génétique Quantitative et Méthodologie de la Sélection

L'équipe Génétique Quantitative et Méthodologie de la Sélection (GQMS) est constituée de 5 chercheurs INRA (2 DR, 3 CR), 1 professeur Emérite (AgroParisTech), 10 ITA INRA, 10 doctorants, 2 CDD (Ingénieurs) et 1 post-doc participent ou ont participé au travail de l'équipe au cours du contrat, ce qui reflète l'importance des ressources contractuelles que l'équipe a su obtenir. C'est donc le groupe le plus important de l'unité et il s'est révélé être particulièrement actif et productif.

L'équipe GQMS conduit des recherches fondamentales dans l'objectif de comprendre et d'optimiser les processus de sélection/conservation chez le maïs et le blé. Les travaux s'appuient largement sur du matériel génétique original et de grand intérêt, construit et caractérisé au sein de l'équipe (lignées hautement recombinantes de maïs, collection de maïs tempérés, populations de blé en gestion dynamique). L'équipe constitue au niveau national un centre de compétences unique en méthodologie de la sélection et commence à acquérir une notoriété internationale qui se traduit notamment par l'accueil de séjours sabbatiques de chercheurs américains reconnus dans ce domaine (R. Bernardo, JL Jannink).

La production scientifique est abondante et de bonne qualité, même si les travaux sont publiés dans des journaux parfois un peu trop spécialisés (Maydica, Crop Science, Genetics, Theor Appl Genet, Planta, New Phytol, Ann Bot, etc.). Le Comité estime que l'impact de la production scientifique pourrait être encore amélioré en cherchant à privilégier la notoriété des revues plutôt que le nombre d'articles. Les travaux sur la sélection assistée par marqueurs et sur le développement de méthodes et d'outils de génétique d'association et de méta-analyse de QTL apportent des connaissances opérationnelles pour la communauté scientifique et les partenaires socio-économiques. Les travaux sur les bases génétiques de la sélection naturelle, la dérive et la migration dans l'évolution de populations de blé contribuent également à l'avancement des savoirs en génétique évolutive.

A l'avenir, l'équipe GQMS souhaite évoluer vers deux nouvelles équipes, DEAP (i.e., Diversité, Evolution et Adaptation des Populations) et GQMS actant de fait l'autonomie déjà existante des programmes « Blé » et « Maïs ». Le projet de l'équipe DEAP semble pertinent et important à conduire, et cette thématique semble trouver sa place dans l'environnement scientifique de l'unité. Le projet de l'équipe GQMS est pertinent et l'évolution vers des stratégies de type « LD mapping » semble logique. Cependant, les travaux concernant l'analyse des interactions génotypes×environnement, même s'ils semblent importants dans la compréhension de l'adaptation du maïs, semblent difficiles à mettre en œuvre. Nous recommandons à ces deux futures équipes de continuer à contribuer à la dissémination des concepts de génétique quantitative et méthodologie



de la sélection dans la communauté internationale des biologistes des plantes et de poursuivre leur interaction forte et fructueuse dans ce domaine avec les biologistes travaillant sur le modèle animal.

Appréciation de l'activité des plates-formes et ateliers communs de l'UMR de Génétique végétale du Moulon

Note de l'équipe	Qualité scientifique et production	Rayonnement et attractivité, intégration dans l'environnement	Stratégie, gouvernance et vie du laboratoire	Appréciation du projet
A	A	A	NN	A

Projet : Diversité, évolution et adaptation des populations (P)

Note de l'équipe	Qualité scientifique et production	Rayonnement et attractivité, intégration dans l'environnement	Stratégie, gouvernance et vie du laboratoire	Appréciation du projet
NN	NN	NN	NN	A

Plate-forme Protéomique du Moulon

Points forts : 2DE et bioinformatique. La Plate-forme protéomique du Moulon présente une très forte expertise en protéomique quantitative basée sur l'analyse de gels à deux dimensions (2DE). Elle bénéficie en interne et en collaboration avec l'atelier bioinformatique et informatique (ABI) d'un contexte très favorable pour le développement et l'optimisation de logiciels nécessaires à son activité. Ainsi le logiciel ProticDB a été développé pour permettre le stockage de données protéomiques issues de gels 2DE et une chaîne d'analyse informatique a été mise en place pour identifier des protéines issues d'espèces séquencées et non séquencées. Cette synergie avec l'ABI est importante pour le bon fonctionnement de la plate-forme, elle doit être mieux visible.

Perspectives de développement: Phosphorylations et quantification. Par le biais des collaborations prises en charge par la plate-forme, les principaux développements envisagés concernent la poursuite des mises au point permettant la caractérisation de modifications post-traductionnelles (phosphorylations) et la mise en place de méthodes de quantification relative sans marquage (« label-free »). Sur ce dernier point des expériences préliminaires, analysant des mélanges peu complexes, ont montré des résultats encourageants. Le Comité d'évaluation attire néanmoins l'attention sur le fait que les approches « label-free » nécessitent la mise en place de logiciels et de traitements statistiques des données appropriés, d'autant plus que des volumes importants d'analyses seront traités (e.g. : > 450 échantillons à comparer dans le cadre d'une collaboration avec l'équipe GQF). L'analyse statistique d'expériences label-free est nécessaire à la fois pour le design et le traitement des données et pourrait nécessiter l'expertise de statisticiens extérieurs à l'UMR.

Ouverture de la plate-forme. Sur les quatre dernières années, les analyses LC-MS/MS effectuées sont réparties de la façon suivante en fonction du demandeur : 40% UMR ; 40% laboratoires INRA ; 20% autres (dont la moitié provenant de l'IFR87). La plate-forme est aussi impliquée dans des réseaux protéomiques essentiellement constitués de laboratoires INRA (Protéome Vert, MassProt'INRA). Une forte augmentation de demandes extérieures a été notée pour l'année 2007.

Fait marquant : Association de la plate-forme du Moulon à la plate-forme protéomique de Jouy. La plate-forme du Moulon s'est associée depuis juin 2008 à la plate-forme protéomique de Jouy pour former la Plate-forme d'Analyse Protéomique Paris-Sud Ouest (PAPPSO), une structure propre à l'INRA. Les 2 sites sont très complémentaires tant au niveau thématique qu'au niveau instrumental. Il n'est pas possible, à l'heure actuelle, d'établir un bilan de l'activité et du fonctionnement de PAPPSO. Néanmoins le comité d'évaluation attire l'attention sur le fait que la gestion de PAPPSO nécessite une coordination importante des deux sites, à la fois pour les développements méthodologiques et la gestion des demandes. De plus le comité d'évaluation a



noté que PAPPSSO devra obtenir son autonomie financière en se détachant notamment de la gestion propre à l'UMR. Afin d'obtenir une labellisation IBISA le site du Moulon s'est engagé dans une démarche qualité nécessaire à ce type de labellisation.

Cependant, le comité ne comprend pas tout à fait la logique purement INRA de la structuration de PAPPSSO, réalisée en dehors du contexte partenarial propre à l'IFR87 (CNRS, Université Paris-Sud, AgroParisTech). Cette démarche d'individualisation d'une plate-forme INRA ne nous semble donc pas tout à fait cohérente avec la nécessaire mutualisation des moyens, stratégies et compétences pour améliorer l'offre technologique vers l'ensemble des unités du site Orsay/Gif. A terme, le risque est grand d'une restriction de l'ouverture de PAPPSSO aux laboratoires INRA (actuellement, environ 20% de l'activité de la plate-forme du Moulon est consacré aux projets d'unités non INRA, l'association avec Jouy risque de réduire encore ce pourcentage). La plate-forme doit donc veiller à ce que l'ouverture vers l'extérieur ne se réduise pas à quelques équipes INRA externes à l'UMR de Génétique végétale du Moulon. Elle devra aussi réfléchir à une meilleure interaction avec les autres plates-formes de la région qui est un moyen d'enrichir l'offre technologique de PAPPSSO dans le domaine de la protéomique et de s'ouvrir plus largement à la communauté scientifique.

Laboratoire commun de Biologie Moléculaire et Bioinformatique

Points forts : une très bonne intégration avec les équipes de recherche et la plate-forme de protéomique.

Le laboratoire commun de Biologie Moléculaire et Bioinformatique (BMBI) est une structure transversale de support aux équipes de recherche qui propose un service de proximité dans deux domaines complémentaires : la cartographie génétique et la bioinformatique. De l'avis unanime des utilisateurs interrogés, le service fourni par ces deux sous-équipes est d'excellente qualité et le personnel s'efforce, malgré une charge de travail importante, de maintenir une grande disponibilité et réactivité. L'activité de biologie moléculaire qui s'attache principalement à l'étude de polymorphisme nucléotidique par marquage moléculaire est très riche en méthodologie : génotypage microsatellite, insertion-délétion, polymorphisme, SNP et séquençage. La mise en place de la PCR quantitative en temps réel pour l'étude d'expression génique est un vrai atout pour l'ensemble de l'unité. L'activité de bioinformatique porte à la fois sur du support en bioanalyse et sur des opérations de développement logiciel de plus large envergure. Ceci est concrétisé par la réalisation de deux logiciels phares : BioMercator dans le domaine de la cartographie génétique et ProticDB dans le domaine de la protéomique, en collaboration étroite avec la plateforme de protéomique. L'impact de ces logiciels hors du domaine de l'INRA (où il est incontestable) reste difficile à évaluer. Néanmoins, l'émergence de projets ANR récents (Meta-QTL et ProticWs) très ouverts sur la communauté nationale et internationale (SIB) devrait permettre d'élargir encore la visibilité de ces développements. Les interactions avec les autres équipes de recherche de l'unité se traduisent également par des développements théoriques originaux, par exemple dans le domaine de la modélisation de l'interférence entre crossovers. Le Comité encourage la poursuite de ce type de collaboration qui, outre son intérêt scientifique, permet également de maintenir un haut niveau de veille technologique au sein du laboratoire commun BMBI.

Perspectives. Outre la poursuite des développements déjà mentionnés, les perspectives d'envergure concernent la génétique et la génomique du maïs (respectivement projets ZEAGIR et d'annotation structurale issus du séquençage). Ces projets, par nature très transversaux, impliquent la quasi-totalité des équipes et devraient donc jouer un rôle structurant au sein de l'unité. En écho à la demande formulée dans le document de faire l'acquisition d'un dispositif de séquençage nouvelle génération (Illumina Veracode), il semble que si les aspects concernant le stockage des données aient été bien anticipés, les aspects plus bioinformatiques de l'usage de ce type d'information restent peu évoqués. Le Comité recommande de ne pas sous-estimer les besoins spécifiques (notamment en algorithmique et en statistique) qui seront engendrés et pourraient nécessiter l'acquisition de compétences supplémentaires.

Fait marquant : la scission en deux ateliers. Compte tenu de la double nature de ses activités et de sa taille actuelle, l'UMR de Génétique végétale du Moulon propose de scinder le BMBI en deux structures : d'une part un Atelier de Cartographie, Expression, Polymorphisme (ACEP) et d'autre part un Atelier de Bioinformatique et Informatique (ABI). Dans cette perspective, deux rôles seront clairement dévolus à l'ABI : d'une part l'administration et la gestion des ressources informatiques et d'autre part les activités bioinformatiques. Le comité ne voit aucune objection à cette scission qui devrait effectivement permettre de simplifier le pilotage et la gestion des projets spécifiques. Il recommande de veiller à maintenir, entre les deux ateliers, le lien étroit qui existe actuellement. Ceci est particulièrement important pour ce qui concerne le développement logiciel.



5 • Analyse de la vie de l'unité

— En termes de gouvernance :

Pour le prochain contrat, l'unité propose la mise en place d'une équipe de direction autour du directeur et constituant ainsi une structure comprenant des représentants des 4 tutelles actuelles de l'unité.

La direction de l'unité a insisté au cours de la visite sur la nécessaire simplification de l'administration des unités et en particulier sur le mandat unique de gestion. Cependant, l'unité est clairement opposée à la restriction des tutelles de l'unité à deux partenaires : une tutelle locale et une tutelle nationale. En particulier, elle souhaite que soient préservés des partenariats étroits avec le CNRS et AgroParisTech, tous deux ayant investi des moyens humains importants dans l'unité au cours des dernières années.

— En termes de ressources humaines :

Les effectifs globaux de l'UMR de Génétique végétale du Moulon ont augmenté d'environ 10% depuis la dernière évaluation. Ils devraient encore progresser d'ici à la fin du contrat quadriennal. L'évolution des ressources humaines se caractérise ainsi :

- le nombre de chercheurs INRA est passé de 9 à 6 au cours du contrat ; en revanche 1 IR, 2 IE et 1 AI ont été recrutés et il est prévu le recrutement de 3 chercheurs INRA et d'un ITA d'ici à janvier 2010 ;
- les personnels CNRS sont passés de 2 (en 2002) à 9 (en 2008) ; au cours du contrat actuel, 1 CR, 1 AI et 1 TR CNRS ont été recrutés. Les personnels CNRS (en particulier les ITA) ont fait part au Comité de leur très vive inquiétude à l'annonce du désengagement possible du CNRS, et ceci d'autant plus que l'unité a déjà vécu cette situation il y a plusieurs années et s'était alors traduite par la réaffectation des personnels ITA ;
- 2 MCF AgroParisTech ont été recrutés alors qu'une MCF AgroParisTech a été recrutée comme Prof. à l'UPS ;
- bien que le nombre d'HDR soit resté à peu près constant, le nombre de doctorants a augmenté de manière significative, principalement grâce aux contrats ; ainsi, 6 doctorants (mais aussi 8 post-docs et 9 CDD) ont été recrutés sur des contrats au cours de la période considérée ;
- alors que le nombre d'ITA affectés dans les équipes de recherche ou sur les plates-formes a progressé ces dernières années, le nombre de personnels d'appui à la recherche (impliqués dans l'administration de l'unité ou dans l'unité expérimentale) a diminué et la situation de l'unité est préoccupante. Un rééquilibrage rapide dans les recrutements s'impose.

Concernant l'administration et la gestion des ressources informatiques, il existe actuellement une situation préoccupante de sous-encadrement résultant du décès récent d'un ingénieur de recherche. Le comité recommande très vivement le renouvellement de cette compétence.

En termes d'émergence de jeunes équipes, signalons l'individualisation de la jeune équipe Diversité, Evolution et Adaptation des Populations (DEAP) à partir de l'équipe GOMS, actant de fait l'autonomie déjà existante des programmes « Blé » et « Maïs ». Signalons aussi qu'au sein de l'équipe GEAR, deux des 3 thèmes étudiés sont pris en charge par de jeunes chercheurs.

— En termes d'infrastructures :

Le cadre de la ferme du Moulon est agréable à vivre, mais de manière récurrente depuis de nombreuses années, la direction de l'unité attire l'attention des tutelles sur le manque de place, la vétusté de certains locaux (problèmes d'isolation) et l'entretien (qui n'est pas assez régulier). Les problèmes relatifs aux obligations des propriétaires (Université Paris-Sud) ou des locataires (INRA) sont gênants pour la réalisation de travaux a priori simples (chacune des tutelles se renvoyant la balle). En termes d'hygiène et sécurité, le fait d'être sous la responsabilité du Centre INRA de Versailles peut poser quelques problèmes de coordination avec l'unité (stockage d'alcool par exemple).

L'extension/rénovation du Moulon fait partie des opérations proposées par l'Université dans le cadre du plan Campus, mais l'unité attire l'attention sur le fait que les terrains expérimentaux sont sur des zones a priori destinées à des opérations immobilières. Lors de la visite, le Comité a relayé auprès des tutelles les inquiétudes de l'unité sur ce point.



6 • Conclusions

– Points forts :

- Par l'originalité des thèmes de recherche abordés, l'UMR de Génétique végétale du Moulon occupe une place originale au sein de la communauté nationale ; ses points forts concernent la génétique quantitative, la génétique, la génomique et l'évolution des caractères à déterminisme complexe.
- L'UMR de Génétique végétale du Moulon a mis en place avec succès des approches originales de protéomique, de bioinformatique et de modélisation. Ces compétences sont remarquablement structurantes dans l'unité et doivent être maintenues au meilleur niveau.
- La diversité des compétences et l'excellente synergie entre les équipes est assez unique et doit être soulignée. Elle est vécue comme un point très positif par tous, en particulier par les étudiants. Elle se traduit en particulier par un nombre élevé de publications communes à plusieurs équipes.
- Les travaux de l'unité sur la sélection assistée par marqueurs et sur le développement de méthodes et d'outils de génétique d'association et de méta-analyse de QTL apportent des connaissances opérationnelles pour la communauté scientifique et les partenaires socio-économiques ;
- Avec la présence des enseignants-chercheurs de l'université Paris-11 et d'AgroParisTech, l'UMR de Génétique végétale du Moulon joue un rôle très important dans la formation en région parisienne ; il faut aussi souligner que 8 chercheurs et ingénieurs font de l'enseignement (jusqu'à une trentaine d'heures par an) et que les scientifiques de l'unité participent largement aux sessions de formation permanente organisées par les organismes de recherche.

– Points à améliorer :

- L'université Paris-11 et l'INRA doivent impérativement se mettre d'accord pour la réalisation rapide des travaux indispensables au fonctionnement normal de l'unité. En terme d'hygiène et sécurité, les décisions prises par le centre INRA de Versailles doivent au préalable être discutées avec l'unité ;
- Le comité attire l'attention des responsables d'équipe sur les problèmes rencontrés par les jeunes chercheurs dans leurs interactions avec l'unité expérimentale. Ces dernières sont cruciales pour les thésards et post-docs ayant une contrainte de temps importante. Ces questions d'organisation devraient cependant être largement résolues par la prise de fonction prochaine de la nouvelle direction de cette unité. La suggestion de mettre en place un comité de suivi chargé de faire un bilan en fin de saison semble judicieuse ;
- Les jeunes chercheurs souhaitent que l'administration de l'INRA prenne en compte le fait que les dates de semis et/ou de récolte étant très fortement liées à la météo, il est souvent impossible de prévoir de manière précise les dates des missions. Ce manque de flexibilité administrative du système est incompatible avec la nature même des expériences réalisées par de nombreux étudiants.
- Les jeunes chercheurs souhaitent être mieux renseignés et impliqués dans l'organisation des séminaires du jeudi. Ils souhaitent en particulier que les thèmes soient plus diversifiés.

– Recommandations :

- Le Comité encourage l'UMR de Génétique végétale du Moulon à poursuivre la dynamique scientifique engagée, tout en veillant à élargir la vocation internationale de l'Unité. En effet, l'Unité apparaît encore un peu trop centrée sur les niveaux local et national.
- Le Comité encourage l'UMR de Génétique végétale du Moulon à développer au mieux des partenariats avec le monde socio-économique qui semblent un peu en deçà de ce qu'ils pourraient être.
- L'UMR de Génétique végétale du Moulon a une forte activité de publication. Elle devrait cependant être plus exigeante en termes de choix des journaux où les travaux sont publiés. Ce choix entre



qualité et quantité est de la responsabilité directe des équipes. C'est une des conditions pour une meilleure visibilité à l'international.

- L'UMR vit de manière naturelle la diversité des compétences qu'elle rassemble, elle devrait cependant mieux communiquer, en particulier en direction des tutelles, sur la nécessité qu'elle voit de maintenir ensemble ces thèmes et compétences.
- Même si elle constitue une des forces de l'Unité, la diversité des thématiques abordées est parfois à la limite du raisonnable pour une unité de cette taille et pourrait se révéler déstructurante à terme. Pour plusieurs équipes, la difficulté réside certainement dans le choix pertinent d'un nombre limité de questions biologiques sur lesquelles focaliser les efforts.
- L'équipe GQMP doit s'engager dès à présent, et en concertation avec la direction de l'Unité, dans une réflexion approfondie sur son fonctionnement, ses priorités, son positionnement et son organisation.
- Les projets actuels de l'UMR de Génétique végétale du Moulon impliquant des analyses protéomiques nécessitent la mise en place de logiciels et de traitements statistiques des données appropriés, d'autant plus que des volumes importants d'analyses seront traités. Dans ce contexte, les liens de la plate-forme de protéomique PAPPSO avec l'Atelier de Bioinformatique et Informatique ABI sont essentiels et leur visibilité externe devrait être renforcée.
- PAPPSO devra aussi réfléchir à une meilleure interaction avec les autres plates-formes protéomiques de la région, d'une part pour améliorer son offre technologique, et d'autre part pour s'ouvrir plus largement vers la communauté scientifique. Or, il existe un risque non négligeable que PAPPSO concentre encore plus son activité sur les projets des équipes INRA. Dans ce contexte, la plate-forme de protéomique doit veiller à préserver son ouverture vers l'extérieur, notamment en direction des laboratoires de l'IFR87 ne dépendant pas de l'INRA.
- Le Comité recommande à l'Unité et à ses tutelles de veiller à maintenir un certain équilibre entre les recherches sur des plantes cultivées et les programmes sur d'autres systèmes modèles. Cette situation est amplifiée dans un contexte de croissance significative des moyens pour des programmes de recherche sur les espèces cultivées. Cet équilibre pourrait être menacé avec la réduction prévue du nombre des tutelles de l'Unité. La simplification du paysage scientifique ne devant pas se faire au détriment de la cohérence et l'efficacité du projet scientifique.
- La direction de l'UMR de Génétique végétale du Moulon a une certaine vision de la restructuration en cours du paysage scientifique local dans le cadre du plan Campus. Cette vision n'étant pas nécessairement partagée par les autres responsables d'unité concernés, le Comité recommande que la réflexion en cours soit poursuivie dans un esprit d'ouverture prenant en compte les options et contraintes de chacun des partenaires.

Enfin, les chercheurs de l'unité ont évoqué devant le comité la nécessité de maintenir un niveau élevé de financement récurrent par les tutelles afin de permettre la réalisation de projets nouveaux ou exploratoires. La réponse à cette question est clairement hors du champ de compétences du comité de visite. Le comité ne peut que suggérer à l'unité d'une part de faire remonter son point de vue auprès des tutelles concernées, et d'autre part, de renforcer la mutualisation et l'organisation déjà existantes afin d'atteindre au moins en partie les objectifs que se fixe l'unité en terme de projets exploratoires.

Note de l'unité	Qualité scientifique et production	Rayonnement et attractivité, intégration dans l'environnement	Stratégie, gouvernance et vie du laboratoire	Appréciation du projet
A	A	A	A+	A

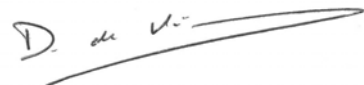
Réponse de l'UMR de Génétique Végétale du Moulon au rapport d'évaluation de l'AERES

L'AERES a envoyé son rapport d'évaluation avec un retard considérable, et s'est permis de nous demander de répondre dans un délai d'une semaine. Pour une agence d'évaluation dont le discours et les méthodes visent notamment à introduire dans le fonctionnement de la recherche les techniques de management, les indicateurs de performances et l'assurance qualité, cette exigence irresponsable pourrait faire sourire si elle ne témoignait d'une forme de mépris pour la communauté qu'elle est censée servir.

Plus généralement, l'AERES est une structure centralisée, technocratique et éloignée de la réalité des laboratoires, et qui met en place un système fondé sur des évaluations quantitatives. Celles-ci sont réductrices, négligent les spécificités disciplinaires et découragent la prise de risque. Cette conception de l'évaluation de la recherche témoigne d'une grave méconnaissance des conditions dans lesquelles peuvent émerger les savoirs et les innovations de demain. Un laboratoire n'est pas une entreprise, ni le savoir une marchandise.

Gif-sur-Yvette, le 1^{er} avril 2009

Pour l'ensemble du personnel de l'UMR



Dominique de Vienne
Directeur de l'UMR de Génétique Végétale