



HAL
open science

Génétique quantitative et évolution - Le Moulon

Rapport Hcéres

► **To cite this version:**

Rapport d'évaluation d'une entité de recherche. Génétique quantitative et évolution - Le Moulon. 2014, Université Paris-Sud, AgroParisTech - Institut des sciences et industries du vivant et de l'environnement, Centre national de la recherche scientifique - CNRS, Institut national de la recherche agronomique - INRA. hceres-02032732

HAL Id: hceres-02032732

<https://hal-hceres.archives-ouvertes.fr/hceres-02032732>

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

Évaluation de l'AERES sur l'unité :

UMR de Génétique Végétale (le Moulon)

UMR GV

sous tutelle des

établissements et organismes :

Institut National de la Recherche Agronomique - INRA

Université Paris-Sud

Centre National de la Recherche Scientifique - CNRS



Janvier 2014



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

Section des Unités de recherche

Pour l'AERES, en vertu du décret du 3 novembre 2006¹,

- M. Didier HOUSSIN, président
- M. Pierre GLAUDES, directeur de la section des unités de recherche

Au nom du comité d'experts,

- M^{me} Mathilde CAUSSE, présidente du comité

¹ Le président de l'AERES « signe [...], les rapports d'évaluation, [...] contresignés pour chaque section par le directeur concerné » (Article 9, alinea 3 du décret n°2006-1334 du 3 novembre 2006, modifié).

Rapport d'évaluation

Ce rapport est le résultat de l'évaluation du comité d'experts dont la composition est précisée ci-dessous.
Les appréciations qu'il contient sont l'expression de la délibération indépendante et collégiale de ce comité.

Nom de l'unité :	UMR de Génétique Végétale
Acronyme de l'unité :	UMR GV
Label demandé :	UMR
N° actuel :	UMR 0320 INRA / CNRS 8120
Nom du directeur (2013-2014) :	M. Dominique de VIENNE
Nom du porteur de projet (2015-2019) :	M. Olivier MARTIN

Membres du comité d'experts

Président :	M ^{me} Mathilde CAUSSE, INRA Avignon
Experts :	M ^{me} Patricia BELDADE, Instituto Gulbenkian de Ciência, Oeiras, Portugal M. Daniel KAHN, INRA Villeurbanne M. Thierry LANGIN, CNRS Clermont-Ferrand (représentant du CoNRS) M. Christophe PLOMION, INRA Bordeaux M ^{me} Christele ROBERT-GRANIE, INRA Castanet Tolosan M ^{me} Cristina VIERA-HEDDI, Université Lyon 1 (représentante du CNU)
Déléguée scientifique représentant de l'AERES :	M ^{me} Brigitte CROUAU-ROY



Représentant(s) des établissements et organismes tutelles de l'unité :

M. Etienne AUGER, Université Paris-Sud

M. Pierre CAPY (représentant de l'École Doctorale N° 426)

M^{me} Nathalie FRASCARIA-LACOSTE, AgroParisTech

M. Thierry GAUDE, CNRS INSB

M. Frédéric GAYMARD, INRA

1 • Introduction

Historique et localisation géographique de l'unité

L'UMR de Génétique Végétale (UMR GV), créée en 1983, est située à Gif-sur-Yvette, sur le plateau du Moulon. Les recherches de l'UMR GV concernent la génétique des caractères à déterminisme complexe dans toute son acception. Au cours des dernières années, ses recherches se sont de plus en plus orientées vers des questions de génomique et d'évolution. Elles concernent des modèles végétaux cultivés (blé, maïs, colza) et sauvages, mais aussi la levure et *E. Coli*.

L'UMR regroupe des chercheurs et personnels de 4 origines : l'INRA, qui est la tutelle principale, l'Université Paris-Sud, le CNRS et AgroParisTech. Les personnels se répartissent en 9 chercheurs et 29 ITA de l'INRA, 6 enseignants-chercheurs de l'Université Paris-Sud, 4 chercheurs et 6 ITA du CNRS et 3 enseignants-chercheurs d'AgroParisTech. AgroParisTech s'est retirée en tant que tutelle au cours du dernier mandat, tout en laissant ses agents affectés à l'UMR. AgroParisTech souhaite redevenir tutelle de l'UMR dans le prochain contrat quinquennal. La diversité des origines, mais surtout des compétences, apporte dans l'UMR une très grande synergie d'approches et de questionnements.

L'UMR est fortement ancrée dans le paysage local. Un chercheur de l'UMR dirigeait l'IFR 87 « La Plante et son Environnement » jusqu'à sa fin en 2013. L'UMR GV fait partie du Labex BASC « Biodiversité, Agroécosystèmes, Société, Climat », créé en 2012. L'UMR est également l'un des trois laboratoires fondateurs de la Fédération de Recherche (FR) IDEEV « Institut Diversité, Evolution et Ecologie du Vivant », créée en 2010 et regroupant environ 300 personnes.

Équipe de direction

La direction de l'unité est assurée par M. Dominique de VIENNE, depuis 15 ans. Elle sera assurée dans le prochain quinquennat par M. Olivier MARTIN. Le DU s'appuie sur 3 adjoints représentant chacun une des tutelles et ayant des missions spécifiques (gestion, installations expérimentales). La direction est très collégiale et les décisions sont prises de façon très démocratique.

Nomenclature AERES

Domaine principal : SVE1_LS2 Génétique, génomique, bioinformatique

Domaine secondaire : SVE2_LS8 Evolution, écologie, biologie des populations

Effectifs de l'unité

Effectifs de l'unité	Nombre au 30/06/2013	Nombre au 01/01/2015
N1 : Enseignants-chercheurs titulaires et assimilés	9	14
N2 : Chercheurs des EPST ou EPIC titulaires et assimilés	12 (11,5)	13
N3 : Autres personnels titulaires (n'ayant pas d'obligation de recherche)	34 (33,2)	33 (32,2)
N4 : Autres enseignants-chercheurs (PREM, ECC, etc.)		
N5 : Autres chercheurs des EPST ou EPIC (DREM, Post-doctorants, visiteurs etc.)	8	
N6 : Autres personnels contractuels (n'ayant pas d'obligation de recherche)	5	
TOTAL N1 à N6	68 (66,7)	60 (59,2)

Les effectifs entre parenthèses sont donnés en équivalent temps plein (ETP)

Effectifs de l'unité	Nombre au 30/06/2013	Nombre au 01/01/2015
Doctorants	12	
Thèses soutenues	16	
Post-doctorants ayant passé au moins 12 mois dans l'unité	16	
Nombre d'HDR soutenues	4	
Personnes habilitées à diriger des recherches ou assimilées	11	12

2 • Appréciation sur l'unité

Avis global sur l'unité

L'UMR GV mène des recherches d'excellente qualité sur les relations Génotype - Phénotype, à travers des approches de génétique quantitative, de génétique évolutive et de biologie des systèmes. Avec des compétences multiples et complémentaires, la question est abordée sous des angles très variés, en menant des recherches exploratoires et d'autres plus finalisées. Elle s'appuie pour cela sur un personnel technique qualifié et compétent et sur un ensemble de ressources biologiques (ressources génétiques patrimoniales ou scientifiques dédiées) particulièrement adaptées.

De nombreux résultats novateurs ont été obtenus, parmi lesquels on peut citer (sans exhaustivité) :

- au niveau de l'exploration de l'architecture des caractères, la caractérisation de QTL de précocité de floraison chez le maïs et l'identification d'un trade-off pour les traits d'histoire de vie chez la levure ;

- la caractérisation de la dynamique et la structure des génomes chez le maïs et de l'impact de la ploïdie chez le colza ;
- la modélisation de la répartition des crossing-over méiotiques ;
- en termes de méthode, la mise au point de la protéomique quantitative sans gel et sans label ;
- les logiciels et bases de données pour la génétique, la génomique et la protéomique qui ont un intérêt bien au-delà des données produites par l'UMR.

L'UMR est fortement ancrée dans le paysage local et est un élément moteur de la FR IDEEV. Elle développe de nombreux partenariats académiques et s'investit activement dans le partenariat socio-économique, que ce soit, par exemple, sur la méthodologie de la sélection avec les sélectionneurs de maïs ou dans la coordination d'un programme de gestion dynamique des ressources génétiques et de sélection participative chez le blé.

Au cours du contrat quinquennal, la production scientifique a été excellente, en termes de publications, mais aussi de logiciels et de brevets.

Points forts et possibilités liées au contexte

- la diversité des compétences permet une synergie entre des questions de recherche exploratoires et plus finalisées ;
- l'UMR a une position originale et reconnue en génétique quantitative et méthodologie de la sélection ;
- l'UMR a un fort ancrage dans le paysage local de recherche (FR IDEEV, Labex BASC) et d'enseignement (UPS, AgroParisTech) ;
- l'UMR a un réseau de partenariat large au niveau académique et des liens importants avec la filière semencière et divers partenaires socio-économiques ;
- la création du Campus de Saclay est une opportunité essentielle pour le développement futur de l'UMR.

Points faibles et risques liés au contexte

- un des éléments importants de l'UMR pour ce contrat quinquennal a été le très fort renouvellement du personnel permanent de l'unité. Avec 16 départs et 18 arrivées de permanents (pour une cinquantaine de permanents au total), le bilan est quasi nul, mais les répartitions dans les équipes et les corps ne sont pas équivalentes. Deux postes semblent faire gravement défaut : un gestionnaire pour répondre à la complexité de gestion des nombreux contrats et le remplacement de l'ingénieur de la plateforme de protéomique PAPPSO ;
- la capacité d'expérimentation en plein champs est une des forces de l'UMR. La restriction à venir de la surface de l'installation expérimentale suite à l'aménagement du plateau de Saclay ne doit pas dépasser un seuil critique qui nuirait à la qualité des recherches ;
- les locaux sont plaisants en terme d'architecture, mais vétustes et peu adaptés pour des laboratoires scientifiques. Le déménagement prochain devrait résoudre ce problème ;
- l'UMR est relativement isolée du point de vue de sa localisation, mais cela devrait s'atténuer prochainement avec l'aménagement du plateau de Saclay.

Recommandations

L'UMR aborde un grand nombre de questions, sur plusieurs modèles. Un certain risque de dispersion est à prendre en compte et il faudra veiller à disposer de masses critiques suffisantes pour aborder les différentes questions scientifiques. Il est aussi essentiel de poursuivre les efforts tendant à accroître la visibilité à l'international, de façon notamment à attirer des postdocs et des chercheurs de haut niveau. Concernant les projets scientifiques, voir les commentaires équipe par équipe.

L'évolution du plateau de Saclay (avec le déménagement de l'Université Paris-Sud et la création du Campus Paris-Saclay) va fortement impacter l'avenir de l'UMR, à la fois au niveau scientifique, avec le regroupement dans un nouveau bâtiment des 3 unités fondatrices de la FR IDEEV, mais aussi au niveau des infrastructures, avec une profonde modification des terrains expérimentaux de proximité.



Une communauté « végétaliste » importante va se regrouper sur le campus de Saclay. Il faudra donc veiller à développer des collaborations entre la FR IDEEV et IPS2 et entre les Labex BASC et SPS, mais aussi rechercher au maximum une visibilité internationale, que ce soit par des collaborations, des articles de synthèse ou d'opinion, ou la participation à des projets internationaux.

Les terrains constituent une richesse essentielle de l'UMR, mais leur surface va être fortement réduite par l'aménagement du plateau. Aujourd'hui il semble que 25 ha seront préservés. Il faudra veiller à ce que ces surfaces ne soient pas plus réduites.

En terme de personnel, l'UMR a subi un renouvellement important de personnels permanents. Etant donné l'intérêt national et international de la plateforme PAPPISO, il est essentiel que l'ingénieur responsable soit remplacé. Par ailleurs, l'accroissement du nombre de contrats, leur diversité et leur complexité, ainsi que l'isolement de l'UMR par rapport au centre INRA de Versailles (tutelle principale), rendent nécessaire le recrutement d'un gestionnaire qualifié.

La montée en puissance prévue de la modélisation et de la génomique s'appuiera sur la diversité des compétences de l'UMR. C'est un atout scientifique certain mais il faudra veiller à maintenir la capacité de gestion des masses de données générées.

3 • Appréciations détaillées

Appréciation sur la production et la qualité scientifiques

Globalement la production scientifique de l'UMR est excellente, tant en quantité qu'en qualité des supports, même si une certaine hétérogénéité entre équipes est notée. Au cours de la période, l'UMR GV a contribué à 185 articles à comité de lecture, publiés dans 79 revues. Le facteur d'impact moyen (4,64) est en nette progression par rapport à la période précédente (3,63 pour 114 articles). Les principales revues sont Genetics (15 articles), Proteomics (14 articles) et Theoretical and Applied Genetics (10 articles). Toutes ces revues sont jugées excellentes dans leur domaine. L'UMR a également participé à des articles dans des revues jugées exceptionnelles (Nature Genetics, Nature Biotechnology, Cell, Trends in Plant Science, Molecular Biology Evolution, ...). Les productions de l'unité ont un très bon impact, puisque 58 articles du quinquennat ont déjà été cités plus de 10 fois. Notons également la rédaction ou l'édition de 3 ouvrages et 17 chapitres.

Une part notable des publications implique des chercheurs de deux équipes ou plus. Par ailleurs un tiers des publications sont co-signées avec une équipe étrangère. L'UMR a également contribué au développement ou à la mise à jour de 11 logiciels et bases de données.

Appréciation sur le rayonnement et l'attractivité académiques

L'UMR a une politique contractuelle très dynamique avec un taux de succès certain. L'UMR a participé à 4 projets européens ; elle a contribué à une quarantaine de contrats nationaux et régionaux, en partenariat ou non avec le secteur privé, parmi lesquels 14 contrats ANR (dont 11 portés par l'UMR) et de multiples projets régionaux ou financés par des instituts. Le taux de participation aux projets Investissements d'Avenir (PIA) est remarquable, avec un projet (Amazing) coordonné par un chercheur de l'unité et la participation à 4 autres PIA thématiques et au Labex BASC. On peut noter également la participation à 21 contrats financés par le privé ou une fondation (dont 6 internationaux). L'ouverture vers les pays du Sud est à noter avec des projets financés par le CIMMYT et la participation à un projet du « Generation Challenge Program ». Cette dynamique s'est traduite par un grand nombre de recrutements de post-doctorants et CDD, une évolution très positive du budget de l'UMR, qui a doublé au cours du contrat quinquennal, mais avec, en contrepartie, des difficultés de gestion.

Un nombre important de chercheurs de l'UMR (huit) ont une activité éditoriale reconnue en tant que « senior editor », « associate editor » ou « invited editor ».

En termes d'animation de réseau, la plateforme de protéomique PAPPISO y contribue fortement, tant au niveau national (réseau Protéome vert) qu'international (Projet COST). Un chercheur de l'UMR a dirigé l'IFR 87 « La plante et son environnement » de 2010 à 2013. Les chercheurs de l'UMR ont contribué à la (co-)organisation de huit conférences ou symposiums internationaux et reçu des invitations à 48 conférences internationales. Ils ont également co-organisé 3 écoles-chercheurs sur des thèmes variés, ce qui a contribué au rayonnement de l'UMR.

Trois distinctions nationales ont été obtenues par des chercheurs, dont un package scientifique de l'INRA pour le futur directeur.

Au cours du contrat quadriennal, 4 chercheurs et enseignants-chercheurs ont été recrutés, venant accroître les compétences en génétique des populations, mathématiques, et génomique. L'UMR a accueilli 16 post-doctorants (pendant plus de 12 mois) ce qui traduit une attractivité significative. Néanmoins, l'attractivité pour des post-docs ou étudiants étrangers de haut niveau est rendue difficile par les capacités d'accueil et la situation relativement isolée par rapport à Paris. On peut espérer que cela s'améliorera dans le futur avec la création du Campus Paris-Saclay.

Appréciation sur l'interaction avec l'environnement social, économique et culturel

Les interactions avec l'environnement social et économique sont riches et remarquables à différents niveaux. Avec un rôle reconnu en terme de méthodologie de la sélection, l'UMR s'appuie sur un partenariat ancien avec les semenciers, ce qui se traduit par plusieurs contrats bilatéraux, l'accueil de doctorants CIFRE, des formations destinées aux personnels des sociétés de semence, mais aussi à des projets investissement d'avenir. Les projets scientifiques ont également conduit au développement de plusieurs logiciels et bases de données (développés dans l'UMR) qui sont diffusés à la communauté scientifique. Ils ont contribué à l'implication de l'UMR dans des projets internationaux et nationaux.

Les projets sur le blé de l'équipe DEAP sont un autre exemple de partenariat riche avec l'environnement sociétal, où l'interaction devient une question de recherche sur la sélection participative.

Enfin, les travaux exploratoires sur la levure ont conduit à l'établissement d'une collection de ressources génétiques et de nouveaux partenariats avec la filière boulangère.

Les chercheurs de l'UMR sont à l'origine de 3 brevets et s'investissent par ailleurs dans la diffusion de la culture scientifique à l'occasion de manifestations variées.

Appréciation sur l'organisation et la vie de l'unité

L'UMR est organisée en 4 équipes thématiques adossées à une plateforme IBISA pour la protéomique (PAPPSO) et deux ateliers méthodologiques, l'un pour la construction de cartes génétiques et l'analyse des polymorphismes, l'autre pour la bioinformatique. Si on identifie des thématiques et des objets d'étude spécifiques à chaque équipe, de nombreux échanges existent entre équipes, et une grande part de l'animation scientifique est transversale (séminaires, journal club, colloque interne).

Les deux ateliers (chacun animé par un ingénieur) et la plateforme de protéomique fournissent un accès mutualisé à des outils de haut niveau et participent à la veille technologique nécessaire à ces développements. Leur implication dans un grand nombre de publications et de projets de plusieurs équipes de l'UMR traduit leur ouverture et leur engagement dans des projets très divers. Ils ont un rôle essentiel et très structurant pour les recherches de l'unité.

Le dynamisme de l'unité se traduit également par l'existence de structures d'animations scientifiques transversales, l'incitation à l'émergence d'équipes, de thèmes et/ou de programmes innovants. On peut noter à ce titre plusieurs évolutions des périmètres des équipes ayant eu lieu au cours des dernières années ou prévues prochainement, ainsi que l'accueil prévu de nouveaux chercheurs.

La vie collective est assurée de manière très démocratique, au niveau de plusieurs instances, notamment un conseil d'unité mensuel (ouvert à tous) et des réunions hebdomadaires des chefs d'équipe, directeurs adjoints et DU. Lorsque des décisions importantes doivent être prises, l'ensemble du personnel est consulté. Des comptes-rendus de ces réunions permettent à chacun de suivre la vie de l'unité. Les rencontres avec l'ensemble des personnels ont confirmé le sentiment de satisfaction quant à cette organisation.

L'adéquation des locaux aux activités scientifiques et aux besoins des personnels pose plus de problème. Un problème crucial de place de bureaux a conduit à la mise en place de 3 ALGECO dans la cour, dont le confort laisse à désirer. Par ailleurs, plusieurs bâtiments sont vétustes et relativement inadaptés aux activités scientifiques et à la politique de sécurité des tutelles. Le déménagement prochain de l'UMR devrait résoudre ce problème.

Appréciation sur l'implication dans la formation par la recherche

L'UMR est très dynamique en matière d'accueil d'étudiants. Sur la période évaluée, 16 étudiants ont soutenu leur thèse et 75 stagiaires ont été accueillis (dont 33 M2). Au 30 juin 2013, l'UMR comprenait 7 post-doctorants et 12 doctorants. Une excellente insertion dans la recherche ou la vie professionnelle est à noter. L'UMR est affiliée à 3 écoles doctorales (Sciences du Végétal N° 145, GGC N° 426 et ABIES AgroParisTech). L'entretien avec le responsable de l'ED GGC (et un courrier de la responsable de l'ED SDV) ont confirmé un fort investissement dans la vie des ED, mais aussi un déroulement très satisfaisant des thèses (durée moyenne de 41 mois inférieure à la moyenne de l'ED, 1.7 article par thèse en moyenne, comités de thèses systématiques ...). L'entretien avec les doctorants a confirmé leur satisfaction concernant l'encadrement. Seule difficulté rencontrée : l'accès difficile au monitorat pour ceux qui l'auraient souhaité.

Au cours du quinquennat, 4 HDR ont été soutenues. La direction de l'UMR est consciente de la nécessité d'inciter les chercheurs qui le peuvent à la soutenir.

Au niveau de l'enseignement, tous les enseignants chercheurs ont des responsabilités d'UE d'enseignements. A signaler également la participation à plusieurs projets d'enseignements à l'international, dont un ERASMUS et deux projets avec l'Amérique du sud. La plupart des chercheurs participent également à des heures d'enseignement (en Master principalement). Des formations sont également organisées pour les professionnels de la sélection en France et à l'international *via* le *Generation Challenge Program*.



Appréciation sur la stratégie et le projet à cinq ans

Le projet s'inscrit dans la continuité des projets en cours avec quelques inflexions, notamment une montée en puissance de la modélisation et de la biologie des systèmes, qui pourra s'appuyer sur les compétences nouvelles de l'Unité. Une analyse très réaliste des forces et faiblesses est proposée dans le rapport. La diversité des approches et des partenariats reste un atout dans le futur.

Quelques changements de contour des équipes sont prévus, avec l'équipe GEAR qui va se scinder en deux équipes, DyGAP et Ge2Morf (avec l'arrivée de 2 chercheurs), mieux identifiées par des thématiques spécifiques. L'équipe GQF va devenir BASE et accueille (depuis un an) le chercheur qui restait seul dans l'équipe GQMP. Une nouvelle équipe SECF rejoindra l'UMR après son déménagement en apportant de nouvelles compétences en génomique fonctionnelle de la levure. La diversité et l'augmentation des travaux sur des modèles autres que végétaux conduisent l'UMR à changer d'intitulé pour « Génétique Quantitative et Evolution - Le Moulon ».

Le contexte de l'UMR va fortement évoluer au cours du quinquennat prochain. Un nouveau bâtiment va être construit pour accueillir les 3 UMR fondatrices de la FR IDEEV. La proximité des 2 autres UMR sera l'occasion d'accroître les échanges, et d'être moteur pour des rapprochements sur les thématiques d'interface, notamment autour de l'agro-écologie. L'appartenance au Labex est une autre opportunité pour l'UMR, qui devra néanmoins profiter de la proximité de l'IPS2 pour établir des partenariats et des rapprochements avec le Labex SPS (notamment pour les besoins en génétique fonctionnelle, peu présents dans l'unité). Au-delà, la création du Campus de Saclay représente une opportunité pour l'évolution des partenariats et l'identification de questions et approches nouvelles. Il faudra en profiter pour accroître la visibilité de l'UMR.

Un point de vigilance demeure : le maintien d'une surface suffisante de terrains expérimentaux à proximité de l'UMR est essentiel pour la réalisation d'essais de qualité. Si une surface minimale est acquise aujourd'hui, l'unité (par les tutelles) devra veiller à ce qu'elle ne soit pas encore réduite.

4 • Analyse équipe par équipe

Équipe 1 : Génétique Quantitative Fondamentale (GQF)

Nom du responsable : M^{me} Christine DILLMANN

Effectifs

Effectifs de l'équipe	Nombre au 30/06/2013	Nombre au 01/01/2015
N1 : Enseignants-chercheurs titulaires et assimilés	5	10
N2 : Chercheurs des EPST ou EPIC titulaires et assimilés	2 (1,5)	4 (3,5)
N3 : Autres personnels titulaires (n'ayant pas d'obligation de recherche)	2 (1,5)	2 (1,5)
N4 : Autres enseignants-chercheurs (PREM, ECC, etc.)		
N5 : Autres chercheurs des EPST ou EPIC (DREM, Post-doctorants, visiteurs etc.)		
N6 : Autres personnels contractuels (n'ayant pas d'obligation de recherche)		
TOTAL N1 à N6	9 (8)	16 (15)

Effectifs de l'équipe	Nombre au 30/06/2013	Nombre au 01/01/2015
Doctorants	3	
Thèses soutenues	3	
Post-doctorants ayant passé au moins 12 mois dans l'unité	3	
Nombre d'HDR soutenues	1	
Personnes habilitées à diriger des recherches ou assimilées	5	4

• Appréciations détaillées

Appréciation sur la production et la qualité scientifiques

L'équipe GQF, composée de 7 chercheurs et enseignants-chercheurs, combine une activité de modélisation et, pour certains sujets, une activité expérimentale autour des thèmes concernant la variation génétique et phénotypique et les conséquences de la sélection sur la diversité. Ces thématiques générales ont été déclinées par l'équipe sur un grand nombre de systèmes tels que la formation des crossing-over à la méiose, la relation entre le nombre d'introns et le taux de GC, l'analyse du protéome de souches de levure et d'*E. coli* en relation avec leur métabolisme, la variabilité pour la précocité de floraison, l'interprétation métabolique de l'hétérosis, l'analyse de motifs de systèmes de régulation. La diversité des sujets abordés et des cibles est importante. En contrepartie, l'intégration entre les sujets n'est pas toujours explicite.

L'équipe a publié 60 articles scientifiques dont 52 dans les meilleures revues généralistes ou spécialisées en génétique, biologie végétale, bioinformatique et biologie évolutive : *PNAS*, *Cell*, *PLoS Genet.*, *Genetics*, *Theoret. Appl. Genet.*, *Plant Cell*, *PLoS Comput. Biol.*, *Molec. Biol. Evol.* etc. Cette production témoigne du large spectre des domaines auxquels contribue l'équipe GQF, et de l'excellent niveau de l'équipe en particulier en ce qui concerne l'apport théorique. L'équipe a aussi produit 2 chapitres d'ouvrage, 2 logiciels dont 1 publié (CODA) et 1 en collaboration dans un projet européen. Ses membres ont donné 28 séminaires sur invitation dont 15 dans des congrès internationaux. Trois thèses ont été soutenues (2009, 2010 et 2011) et 4 autres sont en cours. Une HDR a été soutenue. Cela traduit une très bonne dissémination des résultats que ce soit dans des congrès (bien que la participation des jeunes chercheurs, thésards et post-doctorants, semble plutôt modérée) ou sous forme de publications.

Appréciation sur le rayonnement et l'attractivité académiques

L'équipe a un rayonnement et une attractivité académique de haut niveau puisqu'elle collabore avec plusieurs équipes que ce soit au niveau national (14 équipes en France) ou international (en Suisse, aux Etats-Unis ou au Royaume Uni) avec des publications communes. L'équipe a eu 8 contrats de recherche, dont 1 Package Scientifique INRA, coordonne 6 ANR et 2 projets avec l'équipe GEAR. Globalement, ces données montrent la capacité de l'équipe à obtenir des financements (cependant essentiellement au niveau national) et à construire des collaborations sur la durée.

L'équipe a accueilli 4 post-doctorants, dont la durée du séjour au sein de l'équipe n'est pas claire (le document donne seulement les années). Elle s'est impliquée dans l'organisation d'une école-chercheur (2011). L'expertise des membres de l'équipe est reconnue, comme en attestent leurs nombreuses activités d'évaluation.

Appréciation sur l'interaction avec l'environnement social, économique et culturel

Les membres de l'équipe GQF ont été impliqués dans plusieurs actions de dissémination vers le grand public (Fête de la science, émission de radio), les étudiants (conférence en lycée) ou les personnels de l'UMR et de la FR IDEEV (en statistiques et cartographie génétique). Ils ont également produit de nouvelles ressources génétiques : collection de souches de levures de boulangerie et lignées recombinantes de haricot.

Appréciation sur l'organisation et la vie de l'équipe

Les entretiens au cours de la visite du comité d'experts ont montré qu'il y a de fréquents échanges entre chercheurs de l'équipe d'une part et entre ceux-ci et ceux des autres équipes. Cette équipe a des membres très impliqués dans la direction de l'UMR. Cela ne semble néanmoins pas avoir de conséquences sur sa productivité.

Appréciation sur l'implication dans la formation par la recherche

L'équipe GQF est fortement impliquée dans l'encadrement et très fortement engagée dans l'enseignement, avec de nombreuses responsabilités d'UEs en biostatistiques, modélisation, génomique et évolution.

L'équipe a également accueilli 4 post-doctorants, 7 doctorants, 6 étant en co-encadrement par plusieurs membres de l'équipe ou avec des membres d'autres équipes (pour 2) ; 3 thèses ont été soutenues sur la période évaluée et l'équipe a encadré 5 stagiaires.

Appréciation sur la stratégie et le projet à cinq ans

Dans le prochain quinquennat, l'équipe, changera de nom et s'intitulera « Biologie et Adaptation des Systèmes en Evolution » (BASE). Elle poursuivra ses travaux de modélisation sur les relations génotype-phénotypes et ses conséquences évolutives, en se centrant principalement sur la levure et le maïs. Deux questions centrales seront abordées : la dynamique des génomes et l'impact de l'organisation en réseaux de gènes au niveau adaptatif et évolutif. Il s'agit de questions vastes et ambitieuses mais pour lesquelles l'équipe dispose de compétences diversifiées et du matériel original et pertinent pour les aborder.

Lorsque le nouveau bâtiment de la FR IDEEV sera disponible, une équipe (SECF) de l'Institut de Génétique et Microbiologie de l'Université Paris-Sud rejoindra cette équipe et apportera ainsi des compétences complémentaires à celles de GQF en génétique fonctionnelle de la levure. L'organisation optimale pour accueillir cette équipe devra être réfléchie.

Conclusion

▪ *Points forts et opportunités liées au contexte*

L'équipe GQF/BASE est très solide dans ses approches théoriques de la relation génotype-phénotype. Elle peut s'appuyer sur des compétences diversifiées et originales autour de questions majeures de la génétique quantitative et notamment une nouvelle compétence en protéomique qui est un véritable atout pour explorer l'importance des modifications post-traductionnelles dans l'expression du phénotype. Elle dispose d'un excellent réseau de collaborations, à la fois en interne au laboratoire et en externe.

Elle a une excellente production académique et ses membres sont impliqués dans l'enseignement et l'encadrement d'étudiants.

▪ *Points faibles et risques liés au contexte :*

Le comité d'experts a noté une articulation insuffisante entre les nombreuses thématiques de l'équipe.

L'équipe semble se limiter à des contrats nationaux alors qu'elle pourrait viser des partenariats et des contrats internationaux (même si ces contrats sont « chronophages ») qui accentueraient sa visibilité et lui permettrait de recruter plus de post-docs de haut niveau.

▪ *Recommandations*

Le comité d'experts recommande à la future équipe BASE de focaliser sa recherche sur ce qui constitue ses axes forts : métabolisme et génétique, réseaux biologiques, protéome et phénotype. Sur ces thématiques, il semblerait stratégique d'inclure non seulement la génétique, mais aussi le rôle des modifications épigénétiques et post-traductionnelles dans l'adaptation. Ce positionnement devrait permettre à l'équipe de tirer le meilleur parti du savoir-faire et des données du laboratoire dans ces domaines.

Équipe 2 : Génétique Quantitative Moléculaire et Protéomique (GQMP)

Nom du responsable : M. Michel ZIVY

Effectifs

Effectifs de l'équipe	Nombre au 30/12/2012
N1 : Enseignants-chercheurs titulaires et assimilés	
N2 : Chercheurs des EPST ou EPIC titulaires et assimilés	2 (1,3)
N3 : Autres personnels titulaires (n'ayant pas d'obligation de recherche)	2
N4 : Autres enseignants-chercheurs (PREM, ECC, etc.)	
N5 : Autres chercheurs des EPST ou EPIC (DREM, Post-doctorants, visiteurs etc.)	
N6 : Autres personnels contractuels (n'ayant pas d'obligation de recherche)	
TOTAL N1 à N6	4 (3,3)

L'équipe a été dissoute fin 2012.

Effectifs de l'équipe	Nombre au 30/06/2013	Nombre au 01/01/2015
Doctorants		
Thèses soutenues	1	
Post-doctorants ayant passé au moins 12 mois dans l'unité		
Nombre d'HDR soutenues		
Personnes habilitées à diriger des recherches ou assimilées	1	

• Appréciations détaillées

Appréciation sur la production et la qualité scientifiques

L'équipe GQMP (Génétique quantitative moléculaire et protéomique) était composée de deux chercheurs : 2 CR à 50 % (CNRS) et 80 % (INRA) de leur temps, 2 TR INRA, 1 doctorante et 2 post-doctorants, avec une expertise forte dans le domaine de la protéomique. Il convient de noter que l'équipe a été dissoute fin 2012, rejoignant pour partie l'équipe GQF, et que le responsable d'équipe consacre 50 % de son activité au pilotage de la plateforme de protéomique PAPPISO depuis 2008. On lui doit aussi une forte implication, et ce depuis de nombreuses années, tant dans l'animation scientifique au plan national (réseau Protéome Vert) et international (action COST "Plant proteomics

in Europe" et membre fondateur de l'INPPO "International Plant Proteomics organisation"), que dans l'édition scientifique (senior Editor de la revue Proteomics).

L'objectif de l'équipe était double : il s'agissait d'une part d'analyser la réponse moléculaire du maïs à la sécheresse, et d'autre part d'identifier les acteurs moléculaires "qui comptent", c'est-à-dire ceux responsables de la variabilité de caractères physiologiques et agronomiques affectés par cette contrainte abiotique. L'originalité de l'approche porte sur le niveau de régulation considéré : traductionnel (mesure de l'abondance des protéines) et post-traductionnel. Quatre volets majeurs ont été abordés pendant le dernier quinquennat :

- la validation fonctionnelle de la protéine ZmASR1 dont la surexpression chez le maïs permet non seulement d'accroître le rendement en grain en condition irriguée mais permet aussi de le maintenir en condition de déficit d'alimentation en eau. La généralité de ce bénéfice en fonction du fond génétique et du niveau d'interaction G x E relève maintenant des partenaires privés. Il a par ailleurs été montré que cette sur-expression avait un effet sur les acides aminés branchés, résultat des travaux d'une doctorante et publié dans Plant Physiology (revue classée exceptionnelle en Plant Science) ;

- la recherche des gènes impliqués dans deux QTL de réponse au stress hydrique (affectant la croissance foliaire et la protandrie) et portés par le chromosome 2. Cinq gènes candidats positionnels ont été retenus, dont trois font l'objet d'une demande internationale de brevet, ce qui illustre les possibles retombées économiques de ces recherches. Pour l'un des gènes (un facteur de transcription de type MYB) un effet sur la biosynthèse de la lignine (rapport S/G) semble possible mais reste en attente d'une validation fonctionnelle par transgénèse. Cette étude pourrait être également valorisée par une, voire plusieurs publications de rang A, sans forcément attendre la validation fonctionnelle ;

- l'étude des modifications post-traductionnelles (phosphorylation) en réponse à une variation du statut hydrique dans la zone d'élongation de la feuille de maïs. Des résultats très intéressants ont été obtenus, s'appuyant sur un ensemble d'innovations technologiques en matière de détection de phosphosites. Ces travaux ont été publiés par un post-doc de l'équipe dans Mol Cell Proteomics (classée exceptionnelle en biochem.res.methods). Au-delà de l'étude de la réponse, l'équipe est allée plus loin pour identifier les phosphosites d'intérêt agronomique en comparant 3 lignées quasi-isogéniques différentes pour une région contenant un QTL de réponse au déficit hydrique. La région introgressée semble porter un gène contrôlant de nombreux sites de phosphorylation. Les perspectives qu'il convient de donner à ce volet devront être discutées au sein de la nouvelle équipe BASE ;

- l'analyse de l'effet du stress hydrique sur le protéome des ovules et des soies pour tester des hypothèses sur l'avortement des grains. Les résultats montrent que les protéines impliquées dans le métabolisme du carbone sont peu affectées, ce qui suggère que la contrainte perturberait surtout le développement des organes plutôt qu'un affaiblissement de leur approvisionnement en sucre. Par ailleurs, les patrons d'expression protéiques en condition stressée diffèrent significativement de ceux de la condition témoin, avant même que tout symptôme d'avortement n'apparaisse, ce qui laisse entrevoir la possibilité d'un diagnostic (biochimique) précoce de l'avortement. Ces résultats originaux devraient pouvoir être valorisés.

Cependant, les résultats présentés dans le rapport écrit ont été peu valorisés : deux publications et trois brevets. A cela s'ajoute : i/ trois publications, plus secondaires aux travaux de l'équipe, n'ayant fait l'objet d'aucune présentation de résultat lors de la visite du comité d'experts de l'AERES (s'agissant de travaux réalisés par un membre de l'équipe avant son arrivée dans l'unité), et ii/ une contribution à la détection de QTL et des gènes candidats sous-jacents, chez le maïs en situation de déficit hydrique. Au final, l'ensemble des travaux réalisés depuis 2008, a certes été valorisé au niveau qualitatif, mais reste en deçà de la moyenne de l'unité au niveau quantitatif.

Le comité d'experts constate que le positionnement de cette équipe au sein de l'unité n'a pas été remis en cause suite aux recommandations émises en 2009 par la précédente commission. Ce n'est que fin 2012 qu'une évolution significative s'est engagée avec l'intégration du personnel dans l'équipe GQF. On peut espérer de ce rattachement à la fois une intégration plus forte de la thématique de l'ex-équipe GQMP au sein de l'unité et une dynamique de publications plus importante sur le thème "protéomique/stress hydrique/maïs". Dans le cadre de ce nouveau contexte, le comité d'experts souhaite attirer l'attention de la direction de l'unité sur le fait que de nombreux résultats de l'équipe GQMP restent à publier (quid de la valorisation des brevets en publication, des résultats sur les LR, ainsi que de la valorisation des travaux sur l'avortement des grains ?) et qu'il convient de poursuivre les discussions sur les perspectives à donner aux travaux engagés. Quelle sera la priorité donnée à ces activités (notamment le volet validation fonctionnelle) dans le cadre de la nouvelle équipe BASE, d'autant plus que les deux ITA de l'équipe GQMP n'ont pas été intégrés dans BASE ? Le porteur de la thématique bénéficiera-t-il de l'aide du personnel technique de la nouvelle équipe pour poursuivre son projet ? L'intégration dans BASE s'inscrit bien en cohérence avec la thématique de l'équipe d'accueil, à savoir la mise en œuvre de méthodes protéomiques à haut débit pour caractériser finement les réseaux de régulation sur le modèle "maïs/stress hydrique" (bénéficiant pour cela du

support du projet AMAIZING) ainsi que sur le modèle levure. Elle offre des perspectives indéniables, mais au-delà de l'ajout d'une couche d'information protéomique certes pertinente (les lignées étant caractérisées également au niveau génétique et métabolique), il faudra rester vigilant sur le devenir de la thématique "protéomique/stress hydrique/maïs".

Conclusion

▪ *Points forts et possibilités liées au contexte :*

- expertise scientifique sur la question de recherche depuis de nombreuses années ;
- originalité de l'approche (protéomique, phosphoprotéomique) ;
- expertise technologique forte et reconnue au niveau national et international ;
- appui d'une PF technologique PAPPSO et de l'atelier bioinformatique ;
- importance du thème de recherche par rapport au contexte climatique et agronomique ; portée des recherches dans le contexte du changement climatique (cf. projet AMAIZING) ;
- niveau d'étude très pertinent : les protéines sont les acteurs du fonctionnement cellulaire ! ;
- possibilité de partenariat socio-économique.

▪ *Points faibles et risques liés au contexte*

- faible visibilité, faible valorisation ;
- peu d'intégration avec les autres équipes de l'unité (cf. auteurs des publications) sur la thématique ;
- moyens humains limités (1/2 ETP sur la thématique présentée dans le rapport écrit, peu d'étudiants, pas de collaboration internationale sur la thématique présentée, pas de coordination de projets) ;
- stratégie scientifique peu claire pour le prochain quinquennat (suite à l'intégration dans l'équipe GQF).

▪ *Recommandations*

- veiller à finaliser la valorisation des résultats obtenus par des publications de haut niveau ;
- veiller à ce que l'expertise en protéomique ne dépasse la mise en œuvre de la question de recherche.

Équipe 3 : Génétique Evolutive : Adaptation et Redondance (GEAR)

Nom du responsable : M^{me} Catherine DAMERVAL (2008-2011) puis M^{me} Maud TENAILLON (2012-2013)

Effectifs :

Effectifs de l'équipe	Nombre au 30/06/2013	Nombre au 01/01/2015
N1 : Enseignants-chercheurs titulaires et assimilés	3	5
N2 : Chercheurs des EPST ou EPIC titulaires et assimilés	3	3
N3 : Autres personnels titulaires (n'ayant pas d'obligation de recherche)	3 (2,6)	3 (2,6)
N4 : Autres enseignants-chercheurs (PREM, ECC, etc.)		
N5 : Autres chercheurs des EPST ou EPIC (DREM, Post-doctorants, visiteurs etc.)	3	1
N6 : Autres personnels contractuels (n'ayant pas d'obligation de recherche)		
TOTAL N1 à N6	12 (11,6)	12 (11,6)

Effectifs de l'équipe	Nombre au 30/06/2013	Nombre au 01/01/2015
Doctorants	3	
Thèses soutenues	5	
Post-doctorants ayant passé au moins 12 mois dans l'unité	5	
Nombre d'HDR soutenues	2	
Personnes habilitées à diriger des recherches ou assimilées	4	3

• Appréciations détaillées

Appréciation sur la production et la qualité scientifiques

L'équipe GEAR étudie les mécanismes évolutifs à l'origine de la diversité génétique et phénotypique à l'échelle inter- et intra-spécifique. Elle s'organise autour de trois thématiques : évolution de l'architecture florale ; polyploïdie chez les *Brassica* ; diversité, évolution et adaptation dans le genre *Zea*. L'équipe a produit des résultats importants sur chacun de ces thèmes. Elle a, par exemple, montré une convergence d'utilisation de gènes de la famille *Cycloidea* dans l'évolution de la symétrie florale. Elle a pu établir l'impact fort de régulations post-transcriptionnelles en

réponse à l'allopolyploïdie alors que les éléments transposables sont modérément affectés. Enfin, elle a obtenu des résultats encourageants sur la relation entre vernalisation et méthylation de l'ADN.

L'équipe GEAR a une production scientifique abondante (46 articles de rang A) dans des revues de biologie végétale et de génétique d'excellente qualité, telles que *Plant J.*, *Plant Cell*, *Trends Plant Sci.*, *New Phytol.*, *PLoS Genet.*, *Genetics*, etc.

Appréciation sur le rayonnement et l'attractivité académiques

L'équipe participe activement aux réseaux internationaux de génétique du maïs. Ses membres ont été invités à de nombreuses conférences. Ils sont impliqués dans plusieurs contrats (ANR, Investissement d'Avenir, Bayer BioScience, FR IDEEV), dont plusieurs en tant que porteur de projet. Ceux-ci ont permis l'accueil de 6 post-doctorants.

Appréciation sur l'interaction avec l'environnement social, économique et culturel

Les questions de recherche de l'équipe sont relativement éloignées des questions socio-économiques. L'équipe GEAR a un partenariat avec Bayer Crop Science et collabore activement avec Biogemma dans le cadre du contrat Amaizing (M^{me} Clémentine VITTE, leader d'un workpackage). Elle est aussi impliquée dans des actions de communication (Fête de la science, tables rondes).

Appréciation sur l'implication dans la formation par la recherche

L'équipe GEAR est fortement impliquée dans l'encadrement : 8 thèses, 6 stages de M2 et 8 stages de L2, L3 et M1 ce qui montre une volonté de formation et de transmission du savoir.

Elle participe aussi activement à l'enseignement par sa responsabilité dans plusieurs unités d'enseignement. Elle est également impliquée dans un réseau international de formation avec le Chili et l'Argentine.

Appréciation sur la stratégie et le projet à cinq ans

Suite à l'arrivée de 2 enseignants-chercheurs sur la thématique evo-devo, l'équipe prévoit de se scinder en deux : l'équipe GE2MorF se spécialisera sur la morphogenèse florale, renforcée par l'arrivée des deux enseignants-chercheurs ; l'équipe DyGAP continuera les thématiques sur la dynamique du génome et l'adaptation. Cette séparation en deux équipes est logique compte tenu de leur taille et de leurs projets.

La future équipe GE2MorF se justifie bien du point de vue de sa thématique d'évo-dévo et doit être pensée aussi dans le cadre du futur projet de FR IDEEV et en lien avec le LabEx Saclay Plant Sciences (SPS).

La future équipe DyGAP pourra ainsi avoir une orientation plus resserrée sur la thématique de l'évolution de l'adaptation. Le projet de l'équipe est cohérent avec les thématiques présentées. Il permettra d'inclure les aspects épigénétiques, encore fragiles, et de mesurer leur impact dans l'adaptation. La possibilité de faire des expérimentations de sélection *in natura* est aussi un atout pour l'équipe.

Conclusion

▪ Points forts et possibilités liées au contexte

L'équipe GEAR possède une excellente production scientifique et une expertise reconnue en génétique des plantes cultivées, pour laquelle elle met en œuvre des approches variées et en synergie avec différentes composantes de l'UMR.

▪ Points faibles et risques liés au contexte

Dans le domaine extrêmement compétitif de l'épigénétique, il serait utile de mieux établir les priorités qui permettront à l'équipe DyGAP de se hisser au plus haut niveau international.

▪ Recommandations



L'équipe GE2Morf doit veiller à s'inscrire dans une dynamique en interaction avec le Labex SPS.

Les liens de l'équipe DyGAP avec l'équipe BASE pourraient être renforcés sur les aspects théoriques, en particulier sur les modèles de génétique quantitative qui incluent la dimension épigénétique. Cet aspect original d'épigénétique quantitative pourrait en effet devenir un des points forts de l'UMR.

Il importe également de bien anticiper un besoin croissant et rapide des capacités d'analyse de données haut débit.

Équipe 4 : Diversité, Evolution et Adaptation des Populations (DEAP)

Nom du responsable : M^{me} Isabelle GOLDRINGER

Effectifs

Effectifs de l'équipe	Nombre au 30/06/2013	Nombre au 01/01/2015
N1 : Enseignants-chercheurs titulaires et assimilés		
N2 : Chercheurs des EPST ou EPIC titulaires et assimilés	3 (2,5)	2
N3 : Autres personnels titulaires (n'ayant pas d'obligation de recherche)	2 (1,65)	2 (1,65)
N4 : Autres enseignants-chercheurs (PREM, ECC, etc.)		
N5 : Autres chercheurs des EPST ou EPIC (DREM, Post-doctorants, visiteurs etc.)		
N6 : Autres personnels contractuels (n'ayant pas d'obligation de recherche)		
TOTAL N1 à N6	5 (4,15)	4 (3,65)

Effectifs de l'équipe	Nombre au 30/06/2013	Nombre au 01/01/2015
Doctorants	4	
Thèses soutenues	3 (+ 3 correspondent à des travaux antérieurs)	
Post-doctorants ayant passé au moins 12 mois dans l'unité	1	
Nombre d'HDR soutenues	1	
Personnes habilitées à diriger des recherches ou assimilées	1	2

• Appréciations détaillées

Appréciation sur la production et la qualité scientifiques

L'équipe DEAP (Diversité, Evolution et Adaptation des Populations) a été créée au cours du contrat en cours (non présente dans l'organigramme 2008). Composée au début du contrat de 2 chercheurs, d'une technicienne, d'un post-doctorant et d'un doctorant, elle a été progressivement renforcée par l'arrivée d'un CR Inra en mutation (mais l'autre CR va quitter l'équipe), 1 TR Inra, 1 post-doctorant et 5 doctorants. Ses effectifs début 2013 sont de 3 Chercheurs (1 DR2, 1 CR1 et 1 CR1 à 50 %), 2 TR et 3 Doctorants.



Les projets de l'équipe DEAP s'inscrivent dans le cadre général d'utilisation et de gestion de la diversité génétique du blé. Le thème concerne la gestion dynamique de la biodiversité cultivée et son rôle dans le développement des agroécosystèmes durables, avec deux objectifs complémentaires : (1) une meilleure compréhension des mécanismes génétiques et évolutifs gouvernant l'évolution et l'adaptation de populations cultivées, (2) pouvoir proposer des stratégies de gestion à la ferme allant de la conservation de la diversité à la création de peuplements adaptés à l'agriculture biologique. La forte originalité des projets développés depuis de nombreuses années concerne la sélection participative et la gestion dynamique à la ferme.

Les recherches de l'équipe DEAP sont structurées autour de 5 axes principaux :

1. Différenciation et adaptation locale des populations en gestion dynamique, avec 3 sous-thèmes :
 - association dans une « core-collection » de blés tendres ;
 - analyse génétique d'une population multi-allélique (MAGIC) de blé ;
 - modifications épigénétiques et sensibilité à la vernalisation.
2. Analyse des bases génétiques et épigénétiques de la précocité d'épiaison ;
3. Gestion dynamique à la ferme : impact des pratiques de gestion paysanne ;
4. Sélection participative ;
5. Diversité génétique cultivée dans les paysages : un nouvel indicateur.

Appréciation sur la production et la qualité scientifiques

L'équipe DEAP fait état de 38 articles dans des revues à comité de lecture (37 articles originaux et 1 revue, pour un FI moyen de 3,42), dont 13 correspondent cependant à la valorisation des travaux antérieurs d'un des chercheurs ; il faut ajouter 2 chapitres d'ouvrage, 14 communications avec actes, et 1 article sans comité de lecture.

Appréciation sur le rayonnement et l'attractivité académiques

L'équipe a réalisé 9 conférences invitées dont 4 dans des colloques internationaux, auxquelles il faut ajouter 2 conférences invitées sur les travaux antérieurs d'un des chercheurs. Elle a contribué à l'organisation de 2 congrès (1 international et 1 national).

- Coordination de projets :

L'équipe a une activité conséquente dans ce domaine pour une équipe de cette taille (1 ANR, 2 projets Région IDF, 1 FRB, 1 GNIS, 1 projet ARVALIS), ce qui met en évidence la visibilité et la reconnaissance dont bénéficie cette équipe sur sa thématique.

- Participation à des réseaux et instances de recherche :

L'équipe participe essentiellement à des réseaux au niveau national : un des chercheurs ou une des chercheuses est chargée de mission pour l'INRA (50 %), et l'animatrice de l'équipe participe au groupe de travail Agroécologie (Métaprogramme EcoServ).

- Activités classiques d'expertises :

L'équipe a des activités d'expertise assez diversifiées : projets de recherche, articles, membre d'un comité AERES, jurys de concours CR, TR et IE, jurys de thèses. On peut noter la participation à des groupes de travail du Ministère de l'Agriculture.

- Activités éditoriales :

La responsable de l'équipe est membre de l'Editorial Board de J. of Evolutionary Biology (depuis 2009), et elle a été Editeur invité pour un numéro spécial d'Euphytica.

Appréciation sur l'interaction avec l'environnement social, économique et culturel

L'équipe a de très fortes activités de diffusion de la culture scientifique. Elle s'investit de manière importante dans les relations avec des associations d'agriculteurs et de consommateurs et réalise quelques activités d'expertise pour les partenaires professionnels. Ces actions s'accompagnent d'activités significatives de formation permanente.

Appréciation sur l'organisation et la vie de l'équipe

Il s'agit d'une équipe de petite taille si l'on considère le nombre d'agents permanents, de création récente, avec pendant la durée du contrat un certain nombre de mouvements : arrivée de 2 CR, puis départ d'ici la fin du contrat d'un des deux CR. Cette équipe ne semble pas avoir de problème de fonctionnement collectif et il y a une bonne dynamique collective autour de sa responsable. L'équipe a besoin de stabilité de ses effectifs.

Si l'on se base sur les publications co-signées avec des membres des autres équipes de l'unité, les interactions/collaborations avec d'autres équipes paraissent plutôt faibles.

Appréciation sur l'implication dans la formation par la recherche

▪ Encadrement de Doctorants, post-doc ou CDD :

Un des points forts de l'équipe qui a, durant le contrat, eu une forte activité d'encadrement de Thèses, surtout si l'on considère la relative petite taille de l'équipe, et le fait qu'elle ne dispose que d'une seule HDR : 4 thèses soutenues sur la thématique de l'équipe, 3 thèses en cours (quelques difficultés à identifier clairement le Directeur de Thèse). Toutes ces thèses ont fait l'objet de publications. Un seul post-doctorant a été identifié sur la période (financement INRA).

On note de nombreuses participations des membres de l'équipe, et en particulier de sa responsable, à des comités de thèses.

▪ Participation à l'enseignement :

Là encore, on note un fort investissement de l'équipe, et en particulier de sa responsable, qui se traduit 1) par l'accueil régulier de stagiaires Master 1 et 2, 2) de nombreuses et régulières participations à l'enseignement, 3) une contribution à l'ouvrage Biologie Evolutive, et 4) une participation de membres de l'équipe à une école thématique internationale (2008).

Appréciation sur la stratégie et le projet à 5 ans

A la fin du contrat en cours, un des CR va quitter l'équipe, qui va ainsi se retrouver avec 4 agents permanents : 2 Chercheurs et 2 ITAs, auxquels il faut ajouter 3 doctorants. Les projets et perspectives de l'équipe DEAP sont présentés de façon très, peut-être trop, synthétique dans la version écrite du rapport. En particulier, de même que dans le bilan, les projets sont présentés sans que soit clairement précisée la contribution des différents agents de l'équipe. De plus, on peut regretter le peu d'informations sur les liens et interactions des projets de l'équipe DEAP avec le reste de l'Unité, avec les différents réseaux INRA sur les céréales, ainsi que les collaborations de l'équipe au niveau international.

La présentation orale, faite par la responsable de l'équipe, claire et précise, plus les questions des membres du comité d'experts, ont permis de préciser certains points.

Les projets proposés par l'équipe DEAP sont en continuité avec les projets en cours. Ils sont articulés autour de 4 axes :

- analyse des bases génétiques de l'adaptation avec les populations de gestion dynamique (GD) (Projets Breedwheat et Crop-DL) ;
- compréhension, prédiction, gestion des peuplements hétérogènes génétiquement (Projet BAP Plastic-Wheat, ACCAF Climagie, ANR AgroBiosphère WHeatamix, avec une ouverture intéressante sur des approches d'Ecophysiologie) ;
- gestion de la diversité à la ferme en complément des banques de graines (projet FRB NetSeed) ;
- sélection participative.



Conclusion

▪ *Points forts et possibilités liées au contexte :*

- équipe avec des projets très originaux sur la Gestion dynamique et la sélection participative, qui bénéficie d'une forte reconnaissance et visibilité au niveau national et même international ;
- thématique très bien intégrée et valorisée dans les réseaux d'agriculteurs et de consommateurs ;
- cette thématique, à l'interface Recherche et Société, bénéficie de soutiens réguliers de l'INRA et de la région mais peu de l'ANR. Cependant, elle arrive à trouver sa place dans des projets européens.

▪ *Points faibles et risques liés au contexte :*

- les priorités de l'équipe doivent être organisées clairement autour de cette thématique porteuse. Attention au risque de dispersion des forces limitées de l'équipe sur des thématiques certes intéressantes, comme la régulation épigénétique de la précocité et de la vernalisation, projets sur lesquels existe une forte compétition, et qui paraissent quelque peu déconnectés de l'axe principal des recherches de l'équipe ;
- expertise reconnue de la responsable de l'équipe mais ceci ne se traduit pas au niveau de l'équipe par des conférences invitées et des articles de revue (un seul article de revue sur la période) ;
- rayonnement national excellent, mais le rayonnement international doit pouvoir encore être amélioré (développement de collaborations, participations à des congrès, ...) ;
- bonne valorisation dans des revues du domaine de bon niveau, mais dont le niveau pourrait être amélioré (problème d'accès de cette thématique dans des revues plus généralistes ?) ;
- 1 seule HDR actuellement : même si cela n'a pas limité jusqu'à aujourd'hui le nombre de doctorants accueillis dans l'équipe (3 thèses en cours), il paraît nécessaire d'augmenter le nombre d'HDR.

▪ *Recommandations :*

- veiller à ce que l'originalité et la forte identité des projets de l'équipe autour de la gestion dynamique et la sélection participative ne se trouvent pas diluées dans le contexte de la FR IDEEV que l'UMR doit rejoindre physiquement au cours du prochain contrat, et que l'équipe DEAP puisse y trouver les collaborations et les moyens nécessaires au développement de ses projets ;
- l'effectif chercheurs de l'équipe est à stabiliser voire renforcer compte tenu du départ prévu d'un des 3 chercheurs.

Équipe 5 : Génétique Quantitative et Méthodologie de la Sélection

Nom du responsable : M. Alain CHARCOSSET

Effectifs:

Effectifs de l'équipe	Nombre au 30/06/2013	Nombre au 01/01/2015
N1 : Enseignants-chercheurs titulaires et assimilés	1	1
N2 : Chercheurs des EPST ou EPIC titulaires et assimilés	4	4
N3 : Autres personnels titulaires (n'ayant pas d'obligation de recherche)	5	6
N4 : Autres enseignants-chercheurs (PREM, ECC, etc.)		
N5 : Autres chercheurs des EPST ou EPIC (DREM, Post-doctorants, visiteurs etc.)	3	
N6 : Autres personnels contractuels (n'ayant pas d'obligation de recherche)	1	
TOTAL N1 à N6	14	11

Effectifs de l'équipe	Nombre au 30/06/2013	Nombre au 01/01/2015
Doctorants	2	
Thèses soutenues	5	
Post-doctorants ayant passé au moins 12 mois dans l'unité	3	
Nombre d'HDR soutenues		
Personnes habilitées à diriger des recherches ou assimilées	1	1

• Appréciations détaillées

Appréciation sur la production et la qualité scientifiques

L'équipe GQMS mène des recherches originales avec des objectifs finalisés en lien étroit et en cohérence avec les demandes de la filière maïs. Les objectifs de l'équipe sont de développer des approches permettant de valoriser la diversité génétique des populations de maïs en vue de la création de nouvelles variétés adaptées à l'évolution des besoins et contraintes environnementales. L'équipe s'intéresse en particulier à des caractères d'adaptation et de robustesse (précocité de floraison, qualité des grains, production sous contraintes environnementales abiotiques) et bénéficie de matériels génétiques expérimentaux très originaux et de grand intérêt. Pour ce faire, elle s'intéresse à

(i) la caractérisation de la diversité génétique des ressources génétiques par des approches d'analyse de la structure des populations et l'étude du déséquilibre de liaison ; (ii) l'analyse du déterminisme génétique des caractères quantitatifs en tenant compte de la complexité de ces derniers et de la nature des effets liés à ces caractères et (iii) au développement des méthodes d'évaluation génétique et génomique et des stratégies de sélection en intégrant les dernières avancées technologiques (génotypage haut débit) et les connaissances acquises sur le déterminisme génétique des caractères d'intérêt. Parmi les résultats marquants, nous pouvons noter la mise en évidence de QTL ou clusters de QTL sur des caractères de précocité de floraison ; l'identification de régions du génome contribuant à l'hétérosis et présentant une super-dominance sur des caractères de productivité ; une contribution à l'assemblage du génome du maïs et au développement d'outils de génotypage haut débit (avec une implication dans le consortium international, le développement d'une puce SNP 50K) et le développement de méthodes et d'outils d'aide à la décision pour la sélection assistée par marqueurs (production du logiciel OptiMAS). Les thématiques abordées et les résultats obtenus par l'équipe sont pertinents et originaux avec une forte implication et contribution au développement de méthodes de génétique quantitative (étude analytique de la puissance des tests en GWAS ; contribution au développement de méthodes LD-LA pour la détection de QTL ; optimisation des populations de références en sélection génomique) qu'il est important de cultiver et maintenir. De par l'ensemble des travaux développés au sein de l'équipe, l'équipe a acquis une reconnaissance internationale qui est valorisée par la coordination d'un projet d'investissement d'avenir « Amaizing » et de nombreux autres projets nationaux ou européens.

La production scientifique est de très bonne qualité (44 articles scientifiques, 3 ouvrages et 6 chapitres d'ouvrage) et les supports utilisés sont diversifiés. La diffusion des connaissances sur l'ensemble des thématiques de l'équipe est importante à la fois pour la communauté scientifique et les partenaires professionnels avec lesquels l'équipe entretient des relations étroites *via* l'encadrement de doctorants et post-doctorants financés par les professionnels. L'équipe est un appui et une aide incontournable pour faire avancer les connaissances académiques et opérationnelles en génétique du maïs. Le transfert des connaissances vers les partenaires socio-professionnels est réel et efficace (notamment par la production et la mise à disposition d'un logiciel d'aide à la décision pour la sélection assistée par marqueur et par l'organisation de formations).

Appréciation sur le rayonnement et l'attractivité académiques

L'équipe GQMS s'est fortement investie dans le pilotage de projets européens ou nationaux : elle coordonne un projet investissement d'Avenir Amaizing (impliquant 24 partenaires), un projet trilatéral européen KBBE « Cornfed » (13 partenaires), un projet ANR « CNV Maize », et est partenaire de nombreux projets nationaux. Tout ceci est le signe d'une reconnaissance internationale et d'une notoriété importante de l'équipe. Elle est également impliquée dans différentes instances : implication dans des comités scientifiques de programmes (génomique allemand, européen), du métaprogramme SELGEN (INRA) et elle a des activités éditoriales. L'invitation régulière de membres de l'équipe à des congrès internationaux et son implication dans l'organisation de congrès et école chercheurs sont des éléments positifs et contribuent à la visibilité de l'équipe au niveau international.

Appréciation sur l'interaction avec l'environnement social, économique et culturel

L'équipe GQMS entretient depuis de longues années de fortes interactions avec le monde socio-professionnel (sélectionneurs de groupes privés) au travers de partenariats dans de nombreux projets et l'accueil régulier de doctorants financés par des bourses CIFRE (2 doctorants actuellement). L'expertise et la formation apportées par l'équipe et le transfert des concepts et outils développés *via* la mise à disposition de logiciels (OptiMAS, BioMercator) contribuent à la reconnaissance de l'équipe dans le monde professionnel de la génétique du maïs. Ces activités, même si elles peuvent parfois être chronophages, sont importantes et essentielles.

Appréciation sur l'organisation et la vie de l'équipe

Depuis 2008, l'équipe s'est renforcée avec 3 nouveaux chercheurs, permettant ainsi d'élargir ses compétences en allant de la statistique et la modélisation à la génétique quantitative. La complémentarité des compétences de l'équipe permettra d'aborder, de manière efficace, les thématiques autour de l'analyse de la variabilité génétique et la sélection génomique en intégrant les nouvelles données moléculaires disponibles ou à venir (génotypages haut débit, séquençages) tout en développant de nouvelles approches pour modéliser et prendre en compte l'hétérosis et les interactions génotype x environnement pour l'étude des caractères d'intérêt chez le maïs.

Appréciation sur l'implication dans la formation par la recherche

L'équipe accueille régulièrement des masters, des doctorants et post-doctorants : 4 thèses ont été soutenues sur la période, 2 thèses sont en cours (en moyenne, 1 nouvelle thèse par an). Le devenir des doctorants et post-doctorants ne pose pas de problème, ce qui montre que les compétences acquises au sein de l'équipe GQMS sont reconnues et de très bon niveau. On peut regretter toutefois le faible nombre d'HDR au sein de l'équipe. Il est étonnant également que l'équipe, de par son implication au sein de la communauté internationale, n'accueille pas plus de chercheurs étrangers dans le cadre de séjours sabbatiques.

Appréciation sur la stratégie et le projet à cinq ans

Le projet de l'équipe est ambitieux tout en restant dans la continuité des projets actuels. Il consiste à développer des approches originales en intégrant les nouvelles avancées technologiques (données haut débit, séquençage, méthodologies récentes) permettant de mieux comprendre et mettre en évidence les phénomènes d'hétérosis et les interactions génotype x environnement sur des caractères d'adaptation chez le maïs. Ces travaux bénéficieront non seulement à la filière maïs, mais également à d'autres espèces végétales. Les méthodologies développées pourront être partagées et co-construites avec les collègues de la génétique animale ayant des problématiques communes. Enfin, ce projet est rendu possible grâce aux complémentarités des compétences de l'équipe et aux collaborations déjà actives aux niveaux national et international.

Conclusion

L'équipe GQMS présente une très bonne dynamique avec un renforcement récent en scientifiques (2 CR récemment recrutés). Les thématiques de l'équipe sont pertinentes avec un ancrage fort au sein de l'unité, une reconnaissance nationale et internationale de très bonne qualité. La production scientifique de l'équipe vers le monde académique et les partenaires socio-professionnels est de très haut niveau et le transfert des résultats est réel et apprécié.

▪ *Points forts et possibilités liées au contexte :*

- équipe dynamique aux compétences variées et complémentaires (génétique quantitative, modélisation, statistique) ;
- développement de concepts et d'outils pertinents et mise à disposition de ces derniers auprès des partenaires professionnels en collaboration avec l'atelier de bioinformatique ;
- un environnement local favorable (Université Paris-Saclay, grandes écoles, FR IDEEV) ;
- liens forts avec les partenaires privés qui se concrétisent par des projets en partenariat et l'encadrement de doctorants financés sur bourse CIFRE ;
- production académique excellente ;
- reconnaissance et rayonnement national et international de très haut niveau (coordinateur de projets européens, d'un projet d'investissement d'avenir, implication dans des formations au niveau international).

▪ *Points faibles et risques liés au contexte :*

Une capacité d'encadrement limitée avec un seul HDR dans l'équipe.

▪ *Recommandations :*

- il est essentiel pour l'équipe d'augmenter rapidement son nombre d'HDR. L'accueil de chercheurs étrangers est également à promouvoir ;
- un leadership à cultiver aux niveaux national et international sur la génétique quantitative du maïs et les aspects modélisation de la génétique quantitative ;

- l'équipe devrait mener une réflexion avec les partenaires professionnels pour tenter de pérenniser (au-delà de bourse CIFRE) les relations, assurer la continuité des travaux d'ingénierie et la mise en œuvre des méthodologies. Une mise à disposition d'ingénieurs au sein de l'équipe GQMS pourrait être une solution.

Équipe 6 : Plateforme d'Analyse Protéomique de Paris Sud-Ouest (PAPPSO)

Nom du responsable : Mr Michel ZIVY

Effectifs

Effectifs de l'équipe	Nombre au 30/06/2013	Nombre au 01/01/2015
N1 : Enseignants-chercheurs titulaires et assimilés		
N2 : Chercheurs des EPST ou EPIC titulaires et assimilés	1 (0,5)	1 (0,5)
N3 : Autres personnels titulaires (n'ayant pas d'obligation de recherche)	4	3
N4 : Autres enseignants-chercheurs (PREM, ECC, etc.)		
N5 : Autres chercheurs des EPST ou EPIC (DREM, Post-doctorants, visiteurs etc.)	2	
N6 : Autres personnels contractuels (n'ayant pas d'obligation de recherche)	1	
TOTAL N1 à N6	8 (7,5)	4 (3,5)

Effectifs de l'équipe	Nombre au 30/06/2013	Nombre au 01/01/2015
Doctorants		
Thèses soutenues		
Post-doctorants ayant passé au moins 12 mois dans l'unité	2	
Nombre d'HDR soutenues		
Personnes habilitées à diriger des recherches ou assimilées	1	1

La Plateforme de protéomique PAPPSO est l'une des structures transversales de l'UMR, actuellement composée d'1/2 ETP chercheur du CNRS, de 2 Ingénieurs de Recherche INRA et CNRS, 1 AI CNRS et 1 TR INRA. Elle est animée par le chercheur qui pilotait l'ex-équipe GQMP. Cette structure est labellisée IBISA depuis 2009. Elle est située sur deux sites géographiquement proches (UMRGV et TGU MICALIS) et met à disposition de la communauté scientifique des équipements (4 spectromètres de masse MS, un ensemble de calcul et de stockage/archivage des données) et des compétences (protéomique, analyse et gestion des données) de haut niveau. Elle fonctionne sous un mode collaboratif ou *via* des prestations de service. L'apport de post-doctorants comme dans le projet *Dromadair* sur le stress hydrique du maïs impliquant l'équipe GQMP ou le projet Heteroyeast sur l'analyse de l'hétérois chez la levure et coordonné au sein de l'unité, semble une condition *sine qua non* au montage d'une collaboration avec PAPPSO, ce qui permet au personnel de la PF de ne pas trop se disperser.

Un point fort de cette PF est sa capacité d'innovation qui se traduit par la création d'une chaîne d'analyses bioinformatiques et statistiques, indépendante des spectromètres et permettant : i/ d'analyser les données d'identification par MS (logiciel X!TandemPipeline), ii/ de quantifier l'abondance des peptides détectés par MS (logiciel MassChroQ), iii/ d'analyser statistiquement ces quantités (logiciel ALL-P), et iv/ de gérer l'ensemble des informations d'identification et de quantification (base de données ProticDB). Le premier maillon de la chaîne est en cours de valorisation. Il permet notamment de gérer la redondance (même séquence peptidique retrouvée dans plusieurs protéines) lors de l'identification par MS par un algorithme de classification et propose un critère de décision pour gérer cette redondance. Le second a fait l'objet d'une publication dans *Proteomics* (classé excellent en *biochem.res.methods*). Il est basé sur l'intensité du signal MS. Outil versatile, il est indépendant de l'appareillage et de la méthode de quantification. Le troisième a également été valorisé dans *Proteomics*. Il permet de quantifier les protéines à partir de l'ensemble des peptides non seulement spécifiques à une seule protéine mais aussi communs à plusieurs protéines. Enfin, le quatrième permet de gérer les données de MS gel-free (identification et quantification). Il a aussi été publié dans *Proteomics*. A ce bilan, s'ajoute un nombre impressionnant de publications (une dizaine par an, le plus souvent dans d'excellentes revues) auxquelles sont associés les personnels de la PF, indiquant clairement le haut niveau d'expertise qui est mis au service de la communauté scientifique. Un point de vigilance réside dans le maintien et la transmission du savoir-faire développé par du personnel en CDD, recruté de façon récurrente au sein de la structure pour pallier le manque de personnel permanent. A ce titre, le départ récent d'un élément clef du dispositif (ingénieur INRA) fragilise le bon fonctionnement de la PF. Le comité d'experts y voit une priorité de renforcement à très court terme.

PAPPSO souhaite relever deux défis dans le cadre du prochain quinquennat : l'un en relation avec les activités de la TGU Micalis concerne le perfectionnement du logiciel X!TandemPipeline dans le cadre de la métaprotéomique, l'autre en lien direct avec le projet d'unité porte sur le changement d'échelle autorisé par les projets AMAIZING et SUNRISE. Au-delà de la production de données et des innovations informatiques nécessaires à la réussite de ces projets, le comité d'experts pense que le challenge majeur relèvera du rapprochement des producteurs de données protéomiques et des modélisateurs. Si c'est déjà le cas en interne au sein de l'équipe BASE, cette intégration devra être anticipée dans un cadre plus large avec la création de la FR IDEEV, voire au-delà en interaction avec les deux Labex (BASC et SPS).

▪ **Points forts et possibilités liées au contexte :**

- PF immergée au sein de deux unités de recherche bénéficiant d'un retour immédiat sur les développements technologiques et informatiques ;
- pérennité de la structure qui dispose d'une masse critique suffisante : capacité d'innovation technique et méthodologique ;
- niveau d'équipement, compétence et expertise fourni aux utilisateurs ;
- contribution "indirecte" à la visibilité de l'UMR ;
- l'intégration dans la FR IDEEV va rapprocher les producteurs de données des modélisateurs (biologie intégrative) ;
- implications dans des projets sur le long terme (Amaizing et Sunrise) lui permettant de recruter du personnel supplémentaire pour faire face à la demande, et donc continuer à s'impliquer dans des innovations technologiques.

▪ **Points faibles et risques liés au contexte :**

- maintien et transmission du savoir-faire: le staff actuellement présent semble saturé puisque la PF a recours aux CDD de façon récurrente ;
- risque de ne travailler que sur un mode prestation de service ;
- le devenir incertain du GIS IBISA pourrait entraîner un tarissement des sources de financement récurrentes pour la jouvence de matériel ;
- dépendance de quelques projets (anticipation pour le futur).

▪ **Recommandations :**

Le remplacement de l'ingénieur en charge de la plateforme est essentiel à la poursuite de ses activités.

5 • Déroulement de la visite

Dates de la visite

Début : Mercredi 29 janvier 2014 (11h - 19h45)
Fin : Jeudi 30 janvier 2014, 13h (fin des rencontres) 17h (fin des discussions du comité d'experts)

Lieu de la visite Ferme du Moulon, Gif sur Yvette

Déroulement ou programme de visite

Mercredi 29 janvier 2014 (13h- 19h30)

Présentation du comité d'experts et de l'AERES - Déléguée AERES
Bilan de l'UMR (dont plate-forme PAPPSO) - M. Dominique DE VIENNE (avec M. Michel ZIVY) exposé, discussion
Bilan équipe GQMP - M. Michel ZIVY exposé, discussion
Bilan et projet équipe GQF (\Rightarrow BASE + SECF)- M^{me} Christine DILLMANN - exposé, discussion
Bilan et projet équipe DEAP - M^{me} Isabelle GOLDRINGER - exposé, discussion
Bilan et projet équipe GEAR (\Rightarrow GEAR + GE2MorF) - M^{me} Maud TENAILLON - exposé, discussion
Bilan et projet équipe GQMS - M. Alain CHARCOSSET - exposé, discussion
Bilan et projet équipe ACEP - M. Matthieu FALQUE - exposé, discussion
Bilan et projet équipe ABI - M. Johann JOETS - exposé, discussion
Rencontre avec les doctorants et post-doctorants, discussion.

Jeudi 30 janvier 2014 (8h30- 17h)

Projet de l'UMR - M. Olivier MARTIN - exposé, discussion
Rencontre avec les ITA (dont CDD) - discussion
Rencontre avec les chercheurs et enseignants-chercheurs - discussion
Rencontre les directeurs des écoles doctorales ou leurs représentants - discussion
Rencontre avec la direction actuelle et future de l'UMR - discussion
Rencontre avec les représentants des tutelles (INRA-Université Paris-Sud-CNRS-AgroParisTech) - discussion. La rencontre avec les tutelles a confirmé le souhait d'AgroParisTech d'être tutelle de l'UMR. Le soutien des autres tutelles a bien été confirmé. La question de la complexité d'accueil de personnes étrangères, générale pour le Campus, a également été discutée. Une prise en compte globale de la question semble se dessiner pour le Campus

Après-midi : Réunion du comité d'experts à huis clos en présence du délégué scientifique (fin ~17h).



6 • Observations générales des tutelles

Le Président de l'Université Paris-Sud

à

Monsieur Pierre GLAUDES
Directeur de la section des unités de recherche
AERES
20, rue Vivienne
75002 Paris

Orsay, le 2 juin 2014

N/Réf. : 144/14/JB/LM/AL

Objet : Rapport d'évaluation d'unité de recherche
N° S2PUR150007658

Monsieur le Directeur,

Vous m'avez transmis le 6 mai dernier, le rapport d'évaluation de l'unité de recherche « Génétique quantitative et Evolution - Le Moulon » - UMRGV - N° S2PUR150007658, et je vous en remercie.

L'université se réjouit de l'appréciation portée par le Comité sur cette unité et prend bonne note de ses suggestions. Elle sera attentive à ce que l'aménagement du plateau de Saclay préserve la capacité de l'unité de mener des expériences en plein champ.

Vous trouverez en annexe les éléments de réponse de Monsieur Dominique DE VIENNE, Directeur de l'unité de recherche.

Je vous prie d'agréer, Monsieur le Directeur, l'expression de ma sincère considération.


UNIVERSITÉ
PARIS
SUD
PRÉSIDENCE
Bâtiment 300
91405 ORSAY cedex
Président

Réponses de l'UMR de Génétique Végétale au rapport AERES

Les agents de l'UMR GV remercient sincèrement les membres du comité de visite de l'AERES ainsi que la déléguée scientifique pour le temps qu'ils ont consacré à l'évaluation de leur unité, pour les discussions constructives qu'ils ont eues avec eux et pour les recommandations formulées dans le rapport.

Nous avons noté avec satisfaction que nos grandes orientations scientifiques comme la qualité de nos recherches étaient reconnues par le comité, et que notre projet pour le prochain contrat était pleinement validé.

Sur quelques aspects du rapport, concernant l'ensemble de l'UMR GV ou certaines des équipes, nous souhaitons apporter des commentaires, précisions ou réponses.

UMR

Le comité a bien résumé le mode de fonctionnement de l'UMR, fondé sur des échanges nombreux et beaucoup de projets transversaux, et son ancrage dans un contexte local en pleine évolution. Nous avons bien noté ses recommandations, la plupart portant sur des points sur lesquels des efforts sont déjà engagés.

Nous avons apprécié que le besoin de remplacement de l'ingénieur de recherche pour la plateforme PAPPSO ait été jugé « essentiel » par le comité. Les structures transversales de l'UMR GV sont absolument centrales pour la conduite de nos recherches. Leur personnel est extrêmement qualifié et, loin d'être de simples prestataires de techniques, ces équipes ont un rôle scientifique majeur comme l'atteste entre autres leur implication dans des publications de haut niveau. A cet égard nous avons été agréablement surpris que l'activité de PAPPSO fasse l'objet d'une analyse spécifique, contrairement à ce qui était annoncé. En revanche nous n'avons pas compris que les ateliers ACEP (Cartographie, Expression, Polymorphisme) et ABI (Bioinformatique et Informatique), dont les responsables s'étaient investis pour présenter leurs activités, leurs productions et leurs projets, n'aient pas bénéficié comme prévu de commentaires et de recommandations propres. (L'Installation Expérimentale, également incontournable pour nos projets, est un cas à part car elle a été créée récemment.)

Equipe GQF (future équipe BASE)

Nous sommes un peu perplexes quant à l'interprétation à donner aux recommandations (p. 13), où la thématique « méiose » ne figure pas, thématique signalée par ailleurs (p. 6) comme ayant donné des « résultats novateurs ». C'est sans doute un oubli ; sinon nous rappellerons que la thématique « dynamique des génomes », et en particulier les travaux sur la méiose, font partie des thèmes de recherche prioritaires du département BAP. L'activité de publication de l'équipe sur le sujet est remarquable et les chercheurs concernés sont reconnus pour leurs avancées dans ce domaine, avec des collaborations internationales bien établies. Ce thème sera donc poursuivi. Par ailleurs, étudier l'évolution à plusieurs échelles de temps

permet de comprendre comment les pressions évolutives conditionnent le polymorphisme génétique et nous semble indispensable pour bien comprendre la relation génotype-phénotype.

Le comité souligne le manque d'intégration entre les sujets. Cette intégration se réalise progressivement grâce à la richesse des échanges au sein de l'équipe, soulignée par le comité. Ainsi une expérience d'évolution expérimentale est en cours sur la levure pour comprendre les déterminants génétiques de la variation des taux de recombinaison. Par ailleurs, les connaissances acquises sur la structure des génomes des plantes nous permettent des approches originales sur l'analyse des données NGS produites actuellement au sein de l'équipe. Les travaux sur la réponse du maïs à la sécheresse vont se poursuivre au sein de l'équipe BASE, grâce à des collaborations au sein de l'équipe avec Michel Zivy (voir ci-dessous les commentaires de l'ex-équipe GQMP).

Pour finir, nous sommes convaincus de l'importance des colloques internationaux pour les jeunes chercheurs. Il est possible que leur faible participation à ces activités au cours du dernier quinquennat soit conjoncturelle, mais nous serons plus vigilants à ce sujet dans les années à venir.

Equipe GQMP

Si cette petite équipe était relativement peu visible dans le large domaine de la réponse des plantes au déficit hydrique, nous pensons qu'elle se distinguait dans son domaine spécifique, c'est-à-dire dans l'approche de la réponse par la génétique quantitative du protéome dont le comité souligne l'originalité.

Nous avons pleinement conscience qu'une grande partie des travaux reste à publier et c'est au sein de BASE et de PAPPSO que nous nous y attellerons.

En effet, l'intégration de Michel Zivy dans l'équipe BASE ne met nullement en danger la poursuite des recherches sur la thématique de l'ex-GQMP. Au contraire, elle va la stimuler, grâce aux modélisateurs de cette équipe, prêts à s'investir sur cette thématique.

Equipe GEAR

Dans ses recommandations (p. 19), le comité souligne l'aspect compétitif du domaine de l'épigénétique, et préconise à l'équipe GEAR de s'assurer une originalité au niveau international. En particulier, le comité encourage GEAR à s'appuyer sur les compétences reconnues de l'UMR, notamment en développant la dimension épigénétique quantitative de ses travaux.

Signalons deux points : d'une part, le projet d'épigénomique comparée développé actuellement sur le maïs inclut un volet d'épigénomique des populations sur un matériel européen original, qui s'appuie sur l'expertise en génétique des populations de maïs développée dans l'UMR. D'autre part, M. Tenailon et C. Vitte ont contribué en avril 2014 au dépôt d'un projet ANR en collaboration avec l'équipe BASE qui inclut justement des aspects épigénétiques pour modéliser la relation génotype-phénotype (projet ITEMIZE : « Approches intégratives du réseau de gènes de la transition florale chez le maïs et de son évolution », AAP « Vers la sélection de variétés améliorées et résistantes »).

Si la pertinence de nos projets d'épigénomique est validée par l'attribution de soutiens financiers et le recrutement de doctorants et post-doctorants, il est vrai que leur visibilité n'est pas encore aujourd'hui affirmée par des publications. Ceci est dû à la complexité des génomes du maïs et du colza qui allonge la durée des travaux susceptibles de produire des résultats publiables. En particulier, du fait de la très forte variabilité existant entre lignées de maïs, un développement méthodologique important a dû être réalisé pour utiliser les outils classiques (notamment utilisés pour *Arabidopsis*) dédiés à l'analyse du méthylome. De même, un développement méthodologique a dû être mis en place pour les analyses de petits ARN du colza, du fait de la spécificité du matériel utilisé et du manque de séquence génomique de référence disponible au commencement du projet.

Nous insistons sur le fait qu'à notre connaissance, l'équipe GEAR a été parmi les premières en France à développer des projets en épigénomique sur le colza et sur le maïs : c'est la seule en France à avoir développé un projet d'épigénomique comparée d'une telle ampleur chez le maïs et la seule à avoir analysé la dynamique des petits ARN à la suite de l'allopolypléidie chez le colza. A noter qu'à notre connaissance les autres programmes en cours n'ont pas non plus été valorisés sous forme de publications.

Les besoins en analyse de données à haut débit ont été anticipés, puisque GEAR a déposé en 2014 deux profils, l'un à AgroParisTech et l'autre à l'INRA, dans le but de recruter deux chercheurs qui renforceront l'expertise de l'équipe en analyse de données de séquençage à haut débit et en génomique des populations.

Equipe DEAP

A plusieurs reprises, le comité considère les co-publications et co-encadrements de doctorants que Jérôme Enjalbert réalise en collaboration avec l'unité BIOGER comme issus de travaux antérieurs à son arrivée à l'UMR GV.

Or J. Enjalbert a intégré l'équipe DEAP depuis près de 6 ans, et la distinction a bien été signalée dans le bilan entre finalisation de travaux antérieurs et poursuite de collaborations avec cette équipe au cours du quinquennat ; on notera d'ailleurs que ces collaborations se prolongent dans le cadre du projet ANR Wheatamix qui démarre cette année (étude des associations variétales) et dans le projet CLIF (*CL*imate change and *F*ungaldisease) du métaprogramme ACCAF de l'INRA (Adaptation au Changement Climatique de l'Agriculture et de la Forêt). Ces réalisations sont donc pleinement attribuables à DEAP.

Dans son analyse sur le rayonnement de DEAP (p. 21), l'AERES fait état de participation à des réseaux « essentiellement nationaux ».

L'implication de DEAP dans des réseaux internationaux, notamment européens, se traduit par la responsabilité d'un workpackage (WP) dans deux projets européens (*FarmSeedOpportunities* et SOLIBAM) dont le second comporte 23 partenaires, la responsabilité d'un WP dans le réseau européen SUSVAR (*Sustainable low-input cereal production: required varietal characteristics and crop diversity*), et la responsabilité d'une Tâche dans un projet européen *CORE Organic*. Dans ce cadre, DEAP participe à l'organisation et l'animation d'un ou deux colloques annuels de projet (de 60 à

80 participants), de 2 *executive meetings*/an, et anime les nombreux échanges (workshops, réunion téléphoniques ou visioconférences) internes aux WP.

Outre ces projets financés au niveau européen, DEAP mène le projet sur la population MAGIC depuis au moins six ans en étroite collaboration avec le NIAB (*National Institute of Agricultural Botany*) et notamment le co-développement d'environ 1000 lignées SSD, projet qui bénéficie de financements nationaux d'origine anglaise et française mis en commun.

Huit articles, soit plus du quart de la production de l'équipe, sont écrits en collaboration avec des laboratoires étrangers.

Les collaborations de l'équipe DEAP au sein de l'INRA, au niveau national et à l'international méritent d'être également précisée pour compléter l'analyse de l'AERES sur la stratégie et le projet à 5 ans (p. 22).

- Analyse des bases génétiques de l'adaptation avec les populations de gestion dynamique (GD) (Projets *Breadwheat* et *Crop-DL*) : collaboration INRA Clermont, Arvalis et NIAB (UK) principalement.

- Compréhension, prédiction, gestion des peuplements hétérogènes génétiquement (Projet BAP *Plastic-Wheat*, ACCAF Climagie, ANR AgroBiosphèreWheatamix, avec une ouverture intéressante sur des approches d'Ecophysiologie) : collaboration au sein du consortium Wheatamix (INRA Grignon BIOGER, Agronomie, EGC ; MNHN, Bioemco, INRA Clermont GDEC, INRA Grenoble GAEL, INRA Lyon) ainsi qu'avec l'INRA de Lusignan.

- Gestion de la diversité à la ferme en complément des banques de graines (projet FRB *NetSeed*) & Sélection participative : collaboration au sein de consortiums européens avec l'ORC (*Organic Research Centre*, UK), le LBI (*Louis Bolk Institute*, NL), le FiBL (Institut de recherche de l'agriculture biologique, Suisse), l'Université de Kassel (Allemagne), le DTU-Risøau Danemark (*Danmarks Tekniske Universitet er Danmarks*, Danemark), l'Université de Pérouse (Perugia, Italie), et dans le cadre du GDR PARC (*Participatory Action Research and Citizen Sciences*) et avec les acteurs locaux en France (associations d'agriculteurs, Réseau des Semences Paysannes, etc.).

Enfin, la liste des points faibles relevés par le comité comprend le risque de dispersion sur la thématique « régulation épigénétique... » (p. 23). Nous souhaitons préciser que notre objectif est maintenant d'utiliser les outils de marquage et d'analyse développés localement et surtout dans les laboratoires spécialisés en génomique (notamment GDEC, INRA Clermont-Ferrand), pour analyser l'évolution rapide observée au niveau de certaines populations conduites en gestion dynamique et confrontées à des environnements contrastés.

Equipe GQMS

L'équipe remercie la commission pour son analyse approfondie, son appréciation très positive de ses travaux, de leur originalité et de leur impact, et pour les encouragements à poursuivre dans les directions proposées. Le déficit de diffusion de compétences vers l'extérieur de l'UMR via des actions de formation noté lors de l'évaluation précédente n'est plus mentionné,

ce que nous interprétons comme un encouragement à poursuivre les efforts importants que nous avons entrepris dans ce sens.

En termes d'évolutions, nous apprécions la vigilance de la commission pour ce qui concerne le devenir des terrains expérimentaux de l'UMR. Nous prenons bonne note de l'incitation à augmenter le nombre de chercheurs HDR. Nous sommes pleinement conscients de l'importance de ce point et nous entreprendrons à brève échéance les actions nécessaires. La perspective proposée de renforcer les travaux de l'équipe par une délégation temporaire de collègues du privé nous semble une piste extrêmement intéressante à creuser et nous nous appuyerons sur cette évaluation pour entreprendre des démarches dans ce sens. En ce qui concerne l'accueil de collègues étrangers pour des séjours de moyenne durée, nous avons eu des expériences très positives lors des périodes précédentes et essaierons de renouveler ce type d'accueil malgré les conditions matérielles actuellement difficiles dans nos locaux.

Enfin, nous tenons à remercier les nombreux collaborateurs qui rendent possibles nos travaux. Les collaborations avec les autres équipes scientifiques de l'UMR sont visibles dans le rapport. Nous tenons à signaler en complément l'importance des collaborations avec l'équipe ABI de l'unité pour les aspects de bioinformatique, avec l'IE de l'UMR et le réseau des unités expérimentales INRA, notamment celle de Saint-Martin-de-Hinx.

Plateforme PAPPSO

La plateforme remercie la commission pour l'appréciation très positive de ses activités, concernant tant ses développements technologiques et informatiques que son expertise et ses réalisations. Elle la remercie également pour sa recommandation forte de remplacer l'ingénieur de recherche, ce qui est effectivement vital pour la pérennité de la plateforme.

Fait à Gif-sur-Yvette, le 26 mai 2014



Dominique de VIENNE
Directeur de l'UMR de Génétique Végétale