



HAL
open science

DGIMI - Diversité, génomes et interactions micro-organismes insectes

Rapport Hcéres

► **To cite this version:**

Rapport d'évaluation d'une entité de recherche. DGIMI - Diversité, génomes et interactions micro-organismes insectes. 2010, Université Montpellier 2, Institut national de la recherche agronomique - INRA. hceres-02033240

HAL Id: hceres-02033240

<https://hal-hceres.archives-ouvertes.fr/hceres-02033240v1>

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 de l'AERES sur l'unité :
Diversité, Génomes et Interactions Microorganismes-
Insectes
sous tutelle des
établissements et organismes :
INRA
Université Montpellier 2

Mal 2010



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

Section des Unités de recherche

Rapport de l'AERES sur l'unité :

Diversité, Génomes et Interactions Microorganismes-
Insectes

Sous tutelle des établissements et
organismes

INRA

Université Montpellier 2

Le Président
de l'AERES

Jean-François Dhainaut

Section des unités
de recherche

Le Directeur

Pierre Glorieux

Mai 2010



Unité

Nom de l'unité : Diversité, Génomes & Interactions Microorganismes-Insectes

Label demandé : UMR_A INRA

N° si renouvellement : fusion UMR_A1231 et UMR_A 1133

Nom du directeur : M. Patrick TAILLIEZ

Membres du comité d'experts

Président :

Mme Catherine BOURGOUIN, Institut Pasteur, Paris

Experts :

M. Jean-Michel DREZEN, Université François Rabelais, Tours

M. Michel GOHAR, INRA, Thiverval-Grignon

M. Denis TAGU, INRA- Agrocampus Rennes, Le Rheu

M. Kenneth VERNICK, Institut Pasteur, Paris

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

Représentants présents lors de la visite

Délégué scientifique représentant de l'AERES :

Mme Claire POYART

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

Mr. Olivier LE GALL, INRA

Mr. Christian PERIGAUD, Université Montpellier 2



Rapport

1 • Introduction

- Date et déroulement de la visite :

La visite a eu lieu le 5 Mars 2010 sur le campus de l'UM2, site du Triolet

Après une présentation générale des missions du comité AERES, les directeurs et co directeurs des Unités BIVI et EMIP ont fait une présentation synthétique de leurs activités passées et une présentation du projet de fusion des deux Unités. S'en est suivie une présentation des bilans et projets pour chacun des groupes de recherche. Une discussion avec les représentants des deux tutelles INRA (SPE) et UM2 a eu lieu en présence des seuls membres du comité. Des discussions indépendantes avec d'une part les chercheurs temporaires (Etudiants et Post docs) et d'autre part les personnels ITA ont été organisées.

- Historique et localisation géographique de l'unité et description synthétique de son domaine et de ses activités :

Les deux unités évaluées sont localisées sur le même site de l'UM2 (2 étages d'un même bâtiment) partageant une structure insectarium, localisée sur le même site, mais dans des locaux différents. Chacune des Unités émane de la restructuration passée du site INRA/CNRS de Saint Christol les Alès.

Le domaine d'activité : Etude des pathogènes (parasitoïdes, nématodes, virus et bactéries) d'Insectes ravageurs des cultures (Lépidoptères) et de leurs interactions.

- Equipe de Direction :

Unités évaluées :

EMIP : Patrick TAILLIEZ

BIVI : Philippe FOURNIER, directrice adjointe : Anne-Nathalie VOLKOFF

Projet de fusion, unité DGIMI, Patrick TAILLIEZ, directrice adjointe : Anne-Nathalie VOLKOFF



- Effectifs de l'unité : (sur la base du dossier déposé à l'AERES) :

EMIP

	Dans le bilan	Dans le projet
N1 : Nombre d'enseignants-chercheurs (cf. Formulaire 2.1 du dossier de l'unité)	4	
N2 : Nombre de chercheurs des EPST ou EPIC (cf. Formulaire 2.3 du dossier de l'unité)	5	
N3 : Nombre d'autres enseignants-chercheurs et chercheurs (cf. Formulaire 2.2 et 2.4 du dossier de l'unité)	2	
N4 : Nombre d'ingénieurs, techniciens et de personnels administratifs titulaires (cf. Formulaire 2.5 du dossier de l'unité)	9	
N5 : Nombre d'ingénieurs, techniciens et de personnels administratifs non titulaires (cf. Formulaire 2.6 du dossier de l'unité)	0	
N6 : Nombre de doctorants (cf. Formulaire 2.8 du dossier bilan de l'unité et formulaire 2.7 du dossier projet de l'unité)	3	
N7 : Nombre de personnes habilitées à diriger des recherches ou assimilées	4	

BIVI

	Dans le bilan	Dans le projet
N1 : Nombre d'enseignants-chercheurs (cf. Formulaire 2.1 du dossier de l'unité)	3	
N2 : Nombre de chercheurs des EPST ou EPIC (cf. Formulaire 2.3 du dossier de l'unité)	5	
N3 : Nombre d'autres enseignants-chercheurs et chercheurs (cf. Formulaire 2.2 et 2.4 du dossier de l'unité)	0	
N4 : Nombre d'ingénieurs, techniciens et de personnels administratifs titulaires (cf. Formulaire 2.5 du dossier de l'unité)	10.5	
N5 : Nombre d'ingénieurs, techniciens et de personnels administratifs non titulaires (cf. Formulaire 2.6 du dossier de l'unité)	7	
N6 : Nombre de doctorants (cf. Formulaire 2.8 du dossier bilan de l'unité et formulaire 2.7 du dossier projet de l'unité)	1	
N7 : Nombre de personnes habilitées à diriger des recherches ou assimilées	4	



FUSION= DGIMI

	Dans le bilan	Dans le projet
N1 : Nombre d'enseignants-chercheurs (cf. Formulaire 2.1 du dossier de l'unité)		6
N2 : Nombre de chercheurs des EPST ou EPIC (cf. Formulaire 2.3 du dossier de l'unité)		9
N3 : Nombre d'autres enseignants-chercheurs et chercheurs (cf. Formulaire 2.2 et 2.4 du dossier de l'unité)		3
N4 : Nombre d'ingénieurs, techniciens et de personnels administratifs titulaires (cf. Formulaire 2.5 du dossier de l'unité)		17,5
N5 : Nombre d'ingénieurs, techniciens et de personnels administratifs non titulaires (cf. Formulaire 2.6 du dossier de l'unité)		0
N6 : Nombre de doctorants (cf. Formulaire 2.8 du dossier bilan de l'unité et formulaire 2.7 du dossier projet de l'unité)		5
N7 : Nombre de personnes habilitées à diriger des recherches ou assimilées		6

2 • Appréciation sur Les deux unités EMIP et BIVI et sur le projet de fusion : DGIMI

- Avis global :

Chacune des deux unités a mené avec efficacité les activités planifiées pour le quadriennal 2005-2009 selon les recommandations de l'évaluation précédente.

Des résultats importants ont été obtenus tant en virologie, microbiologie, taxinomie, entomologie que génomique des lépidoptères. La compétence des équipes a été soit maintenue, soit confirmée ou encore développée. Il s'agit maintenant de poursuivre les investissements et renforcer les compétences dans un domaine d'importance en entomologie agricole et santé des végétaux et d'asseoir la visibilité internationale de l'ensemble des équipes de l'Unité.

- Points forts et opportunités :

-Investissements forts en génomique des Lépidotères qui devraient être maintenus pour un positionnement international effectif.

-Maîtrise des systèmes biologiques investigués.

-Mixité des approches fondamentales et appliquées des systèmes biologiques étudiés : virologie- microbiologie-entomologie.

-Bonne complémentarité entre des approches de génomique comparative bactérienne et recherche de facteurs de virulence.

-Plus-value de l'insectarium en appui aux programmes de recherche de l'unité.



- **Points à améliorer et risques :**

Concentrer les efforts de recherche sur des thématiques bien maîtrisées et limiter le développement d'axes de recherche dont la maturité n'est pas encore avérée ou pour lesquels les ressources humaines sont limitées. Rebondir sur les acquis en génomique vers le développement de la génomique fonctionnelle des Lépidoptères qui devrait ouvrir une voie certaine.

Capitaliser sur les compétences en virologie et microbiologie pour l'étude des interactions hôtes-pathogènes en accentuant sur la mutualisation des compétences et des outils

Augmenter l'accueil de doctorants et l'attractivité pour les post-doctorants ; à formaliser en particulier par l'obtention d'HDR pour les chercheurs et enseignants-chercheurs qualifiés. De manière concrète ceci devrait permettre de faciliter le maintien au sein des équipes des étudiants M2 formés à la recherche, pour leur doctorat.

- **Recommandations au directeur et directeur adjoint de l'unité :**

L'Unité proposée correspond à la fusion de deux unités dont les gouvernances étaient différentes. Une vigilance particulière devra être menée afin de maintenir la fédération des intérêts et interactions. Un souci particulier de l'intégration de l'ensemble du personnel chercheurs, enseignants-chercheurs et ITA, et de leur adhésion à la nouvelle gouvernance sera garant du succès de l'Unité. Sur le plan scientifique, l'animation scientifique et le montage de projets communs au niveau national ou international devraient de même constituer un facteur de succès des projets de la nouvelle Unité.

- **Données de production :**

A1 : Nombre de producteurs parmi les chercheurs et enseignants chercheurs référencés en N1 et N2 dans la colonne projet	14
A2 : Nombre de producteurs parmi les autres personnels référencés en N3, N4 et N5 dans la colonne projet	1
A3 : Taux de producteurs de l'unité $[A1/(N1+N2)]$	0,93
A4 : Nombre d'HDR soutenues	2
A5 : Nombre de thèses soutenues	6

3 • **Appréciations détaillées :**

- **Appréciation sur la qualité scientifique et la production :**

Les recherches menées par les unités (EMIP et BIVI) s'articulent autour de la connaissance de systèmes pathogènes complexes du lépidoptère Spodoptera, impliquant nématodes et bactéries, virus, ou encore parasitoïdes et virus. Elles se situent dans un contexte général de lutte biologique ou intégrée des Lépidoptères ravageurs de culture et s'appuient sur des recherches fondamentales originales en microbiologie et virologie (facteurs de virulence), en génomique et biologie des Lépidoptères (structuration des génomes et réponses de l'Hôte), en taxinomie microbienne (diversité et adaptation symbiotique).

La qualité des travaux est d'un bon à très bon niveau, comme l'atteste un certain nombre des publications. Le rayonnement international n'est pas encore toujours atteint, probablement lié à l'ampleur des projets abordés au regard des ressources. Néanmoins les bases solides ont été établies et devraient contribuer dans les années qui viennent à une reconnaissance plus large des différentes équipes.

La Production scientifique globale est honorable avec un taux de publication moyen sur 4 ans légèrement supérieur à une publication par chercheur-enseignant chercheur publiant. L'impact facteur moyen est entre 3,5 et 3,9



(voir détail ci-après) avec des contributions originales dans d'excellents journaux à large audience (Science et PNAS) ou de spécialité (J. Bacteriol). Les enseignants chercheurs non publiant sont fortement impliqués en enseignement et formation.

De la même manière, nombre honorable de séminaires invités avec cependant la remarque qu'il s'agit pour la moitié de présentations pour une audience francophone.

La participation avec communication à des congrès concerne également dans la majorité des cas des réunions nationales.

Formations de 6 Docteurs en science pour 8 titulaires d'HDR- Encadrement actuel de 3 doctorants et encadrement de nombreux M1 et quelques M2.

Détails des publications :

EMIP : 34 publications+ 20 hors thématique, IF moyen 3,5- Thèse= 3

BIVI : 29 publications + 11 hors thématique, IF moyen 3,9, Thèse= 3

15 séminaires invités dont :BIVI (3 dont 1 international) EMIP (12 dont 8 internationaux)

Publications de chapitre d'ouvrage

Production de 2 bases de données génomiques Lépidoptère (SpodoBase et lépidoDB) et participation à 2 bases de données séquence de génomes bactériens, avec le génoscope.

- **Appréciation sur le rayonnement, l'attractivité, et l'intégration de l'unité de recherche dans son environnement :**

Les deux Unités de recherche ont initialement bénéficié de la reconnaissance internationale de chercheurs Seniors, qui ont depuis quitté la recherche. Elles s'appuient maintenant sur les développements novateurs initiés par des chercheurs compétents et motivés qui doivent soit consolider soit établir leur positionnement international.

Dans chacune des thématiques abordées, les équipes ont obtenu des financements externes (ANR , Inra, UM2 et secteur privé). Ces financements ont permis le recrutement de postdoc (ANR) ou de doctorant (bourse CIFRE). Bien que certaines équipes occupent une place privilégiée dans la sphère du bassin méditerranéen, la capacité à attirer des post doc étrangers sur les thématiques fondamentales semble encore limitée.

Les développements thématiques proposés sur l'aspect des populations des pathogènes et de leurs hôtes Lépidoptères s'intègrent bien dans le schéma régional du secteur de la recherche publique et du secteur agronomique, avec des perspectives de valorisation pour le développement d'outils ou de méthodes de contrôle des lépidoptères ravageurs de cultures.

Les projets d'animation de réseaux thématiques (Interaction microorganismes-hôtes et génomiques des Lépidoptères Ravageurs de Cultures) seront fédérateurs tant sur le plan régional que national, voire international.

- **Appréciation sur la stratégie, la gouvernance et la vie de l'unité:**

Au sein de chacune des unités EMIP et BIVI, la gouvernance apparaît en adéquation avec les objectifs affichés et en harmonie avec les responsables d'équipe au sein des unités. Cette gouvernance a permis autant que l'on peut en juger l'épanouissement des responsabilités au sein de chaque équipe. La dépendance de structures communes pour la réalisation des objectifs scientifiques telle que la responsabilité partagée des structures insectarium, essentielles, et la conception d'une structure commune (plateforme d'expérimentation sur insectes de quarantaine) contribue à établir les bases solides de la fusion proposée des deux unités.

La contribution aux activités d'enseignements de l'une et l'autre Unité est le reflet du nombre de ses enseignants-chercheurs avec une implication forte de chaque enseignant chercheur limitant pour certains, leur production scientifique. La contribution des chercheurs à l'enseignement est également importante.

Les deux unités sont soutenues dans leurs choix scientifiques et leur choix de fusion par leurs tutelles INRA (Département SPE) et Université Montpellier 2.



Les personnels ITA s'inquiètent des difficultés rencontrées dans l'avancement de leur carrière et en particulier de l'impact des restructurations des Unités de recherche sur celui-ci.

- **Appréciation sur le projet :**

Le projet de fusion des deux unités EMIP et BIVI s'articule autour d'un projet thématique pertinent qui intègre les compétences des équipes de chaque unité d'origine et l'existence au niveau régional d'un fort potentiel complémentaire, tant en recherche académique qu'en recherche appliquée, intégrant des intérêts privés régionaux. Le potentiel international est fort, mais à développer ou renforcer. La faisabilité est réelle, mais dépendante des ressources humaines qui pourront être allouées à chaque projet et des choix qui devront éventuellement être fait en fonction des ressources effectivement disponibles.

L'analyse des besoins a été menée et les besoins raisonnés exprimés auprès des tutelles, besoins qui concernent principalement l'affectation de 2 postes de chercheur ou Enseignant-chercheur et de 5 postes de personnel technique. En ce qui concerne les enseignants-chercheurs, un soutien administratif pour l'organisation de leurs activités d'enseignement leur permettrait de dégager un temps précieux afin de mieux valoriser leur implication dans les projets de recherche.

Bien que nombre des projets reposent sur un soutien technique important, manipulation d'invertébrés et prospection de terrain, il apparaît important de permettre aux équipes de recruter des doctorants et post-doctorants. Le recrutement ou l'affectation de nouveaux chercheurs ou enseignants chercheurs statutaires devra être pondéré en fonction de la structure actuelle des équipes afin de permettre aux chercheurs plus seniors de chaque équipe de se consacrer au développement d'approches ambitieuses et compétitives, potentiellement à risque.

La proposition de mise en place des réseaux thématiques (Interaction microorganismes-hôtes et génomiques des Lépidoptères Ravageurs de Cultures) est à soutenir pour la dynamique scientifique du pôle Montpellier, avec une ouverture possible à l'international pour le second.

Les projets issus des groupes les plus juniors sont pour certains associés à une certaine prise de risque qui impose une vigilance à l'égard de la dispersion et une mesure de l'équilibre risque-ressources.

Enfin, la fusion des deux unités devra envisager un mode de fonctionnement concordant pour les personnels ITA et un partage ou mise en commun des ressources techniques de base qui permettra de s'affranchir des disparités géographiques (partage laverie, équipements biol mol ou de microscopie d'intérêt commun etc), partage devant contribuer à la finalisation d'une identité commune.

Une attention particulière devra être portée sur la communication au sein de la nouvelle entité.

De même, l'interaction entre personnels en charge des élevages (géographiquement éloignés) et chercheurs ou stagiaires pourrait être renforcée par la mise en place systématique de formation aux élevages et manipulation d'insectes de tout nouvel arrivant. La mise en place de tels stages ne peut que contribuer à la sensibilisation des stagiaires aux contraintes et difficultés de production du matériel biologique.



4 • Analyse équipe par équipe

Equipe 1 : Epigénétique, Holocentrisme et Adaptation de l'Insecte

Responsables :Emmanuelle d'Alençon

	Dans le bilan	Dans le projet
N1 : Nombre d'enseignants-chercheurs (cf. Formulaire 2.1 du dossier de l'unité)	0	0
N2 : Nombre de chercheurs des EPST ou EPIC (cf. Formulaire 2.3 du dossier de l'unité)	1.2	1.5
N3 : Nombre d'autres enseignants-chercheurs et chercheurs (cf. Formulaire 2.2 et 2.4 du dossier de l'unité)	1	0
N4 : Nombre d'ingénieurs, techniciens et de personnels administratifs titulaires (cf. Formulaire 2.5 du dossier de l'unité)	2	2.2
N5 : Nombre d'ingénieurs, techniciens et de personnels administratifs non titulaires (cf. Formulaire 2.6 du dossier de l'unité)	0	0
N6 : Nombre de doctorants (cf. Formulaire 2.7 du dossier de l'unité)	0	1
N7 : Nombre de personnes habilitées à diriger des recherches ou assimilées	1	1

- **Appréciation sur la qualité scientifique et la production :**

La thématique développée porte sur des aspects fondamentaux de la structure et la fonctionnalité des génomes holocentriques appliqués à des insectes ravageurs des cultures et s'intègre dans les choix stratégiques du département SPE de l'INRA. Les résultats concernent l'analyse de la structure de génomes de Lépidoptères. Les résultats obtenus sur la synténie entre des génomes partiels de trois espèces de lépidoptères sont très originaux : ils montrent malgré une répartition le long des chromosomes des centromères, une conservation de l'organisation de leurs gènes. En parallèle, l'analyse des séquences répétées de ces génomes holocentriques a été entreprise. L'effort est d'autant plus remarquable que l'équipe a dû développer (en collaboration) des outils de génomique pour caractériser des portions des génomes de deux espèces de ravageurs : *Helicoverpa armigera* et *Spodoptera frugiperda*. Ces résultats de très bonne qualité ont un impact d'envergure internationale pour la connaissance de la structure et de l'évolution des génomes holocentriques. Une seconde partie des résultats concerne la recherche des structures centromériques dans ces génomes holocentriques par des approches de biologie moléculaire et cellulaire. La portée de ces données est importante puisqu'elle permet de poser des bases nécessaires au projet futur. Enfin, l'équipe construit un Consortium International de Génomique des Lépidoptères Ravageurs (CIGLR), part importante de son rayonnement à l'international.

Le nombre de publications est encore faible, reflétant la nécessité de mise en place de nombreux outils et la taille modeste de l'équipe. Cependant, l'acceptation pour publication à PNAS d'une partie du travail sur la synténie traduit la qualité du travail. L'équipe est donc dans une bonne phase de valorisation. Le nombre de communications scientifiques devrait augmenter suite à cette valorisation. Aucune thèse n'a été encadrée : maintenant que les bases sont posées, l'équipe envisage le recrutement d'un doctorant d'autant qu'un financement partiel a été obtenu du département SPE-INRA.

Le CIGLR est un facteur de stabilité du partenariat.



- **Appréciation sur le rayonnement, l'attractivité, et l'intégration de l'équipe ou du projet dans son environnement :**

Une invitation à une conférence internationale. Ce faible nombre s'explique par la jeunesse du projet scientifique et devrait augmenter dans le futur. La réputation de l'équipe se construit autour de la génomique des lépidoptères.

Un post-doc étranger recruté sur un projet ANR porté par l'équipe.

Coordinateur d'un contrat ANR "blanche", montrant le dynamisme et l'innovation de l'équipe.

Participation à un contrat ANR en bioinformatique.

Plusieurs financements autour de la constitution de ressources génomiques (Génoscope, AIP Bioressources, INRA).

L'équipe a une démarche structurante à l'échelle nationale auprès des laboratoires développant des ressources génomiques sur les lépidoptères (transcriptome complet via AIP Bioressources) et s'engage dans une démarche similaire au niveau international avec la participation acquise de plusieurs équipes.

- **Appréciation sur la stratégie, la gouvernance et la vie de l'équipe ou du projet**

L'équipe est de taille modeste (1 DR, 1CR), qui ne nécessite pas une gouvernance particulière. Elle a organisé un colloque national sur la génomique des insectes pour améliorer sa visibilité dans ce domaine.

L'attribution du contrat l'ANR blanche ainsi que la position de l'équipe en génomique des Lépidoptères montrent la propension de l'équipe à animer des projets innovants et structurants.

Aucun enseignant-chercheur dans l'équipe. Implication faible des membres de l'équipe dans l'enseignement.

- **Appréciation sur le projet :**

Le projet fait suite au bilan présenté, avec des re-centrages opérés suite à une analyse critique sur i) la taille critique de l'équipe et ii) les enjeux de la nouvelle structure. Le projet se focalise sur la régulation épigénétique opérée dans le génome holocentrique du lépidoptère ravageur *S. frugiperda*, en relation essentiellement avec les stades de développement et l'adaptation à la plante hôte. Ce dernier volet, notamment, permettra d'ancrer les activités de cette équipe dans la problématique « interactions », définissant les activités de la nouvelle UMR. De plus, cette activité permet des rapprochements avec d'autres partenaires (notamment CBGP sur Montpellier) afin d'intégrer une échelle populationnelle à ces recherches. Enfin, l'un des projets de l'équipe - essentiel voire vital pour les activités de la nouvelle UMR et d'autres laboratoires de l'INRA - est l'établissement de la séquence du génome de *S. frugiperda*. Enfin, l'ensemble du projet pourra s'appuyer sur la mise en place du réseau CIGLR dont un des objectifs majeurs est l'établissement de la séquence du génome de *S. frugiperda*. L'acquisition de la séquence et l'annotation de ce génome sont essentielles au bon développement de ce projet. La faisabilité est bonne : les bases conceptuelles et technologiques sont posées, et les partenaires identifiés. A long terme, ce projet devrait aider à l'excellence scientifique de l'équipe en couplant approche épigénétique moléculaire à biologie de l'adaptation.

L'équipe a déjà fait preuve de sa capacité à proposer, financer et animer des projets. Elle devrait pouvoir continuer sur cette lancée, surtout avec la future valorisation du travail en cours.

L'originalité est de travailler sur un génome holocentrique, dans un contexte de protection des cultures, en s'alliant avec des génomiciens des populations. Les risques sont pesés : ils ont été pris lors du quadriennal passé.

- **Conclusion**

- **Avis :**

Bilan très positif, avec de très bonnes valorisations en cours. Projet focalisé et original. Travail de recherche de qualité. L'équipe devrait rentrer dans une phase d'augmentation de sa reconnaissance lors du quadriennal 2011-2014.



– Points forts et opportunités :

Les bases technologiques sont posées, et l'essor des nouvelles techniques de séquençage est une opportunité pour rapidement acquérir les ressources génomiques nécessaires. La force est de combiner génomique structurale, fonctionnelle et adaptation des espèces de ravageurs des cultures.

– Points à améliorer et risques :

La faiblesse est le nombre de chercheurs (permanents, thésards ou postdocs) au regard du volume et du nombre de projets (sous projets) et de la complexité de certaines approches qui nécessitent encore pour certaines des développements technologiques (RNAi par exemple).

– Recommandations :

Un effort doit être fait sur la rapidité de la valorisation des résultats, et un travail de reconnaissance notamment dans les conférences internationales doit être effectué. Dans cet objectif, il semble important de concentrer les effectifs sur un même aspect du projet et de ne pas se laisser tenter à développer un nouvel aspect à l'arrivée d'un nouveau chercheur. En particulier, il ne semble pas judicieux d'engager un doctorant sur la caractérisation des protéines CENP-L ou CENP-E alors que beaucoup reste à faire sur Sf-CENP-B. Enfin, l'obtention de l'HDR par une des chercheurs seniors de l'équipe garantira la pérennisation d'accueil d'étudiants et l'attractivité pour de futurs postdoctorants.

Equipe 2 : Génomique fonctionnelle et facteurs de virulence

Responsable : M. Alain Givaudan

	Dans le bilan	Dans le projet
N1 : Nombre d'enseignants-chercheurs (cf. Formulaire 2.1 du dossier de l'unité)	1	1.5
N2 : Nombre de chercheurs des EPST ou EPIC (cf. Formulaire 2.3 du dossier de l'unité)	1.9	1.9
N3 : Nombre d'autres enseignants-chercheurs et chercheurs (cf. Formulaire 2.2 et 2.4 du dossier de l'unité)	2	0
N4 : Nombre d'ingénieurs, techniciens et de personnels administratifs titulaires (cf. Formulaire 2.5 du dossier de l'unité)	1.95	1.85
N5 : Nombre d'ingénieurs, techniciens et de personnels administratifs non titulaires (cf. Formulaire 2.6 du dossier de l'unité)	0	0
N6 : Nombre de doctorants (cf. Formulaire 2.7 du dossier de l'unité)	1	0
N7 : Nombre de personnes habilitées à diriger des recherches ou assimilées	1	1

• Appréciation sur la qualité scientifique et la production :

Les bactéries des genres *Photorhabdus* et *Xenorhabdus* sont engagées dans une relation tripartite, étant d'une part symbiontes de nématode, et d'autre part pathogènes d'insecte; le nématode étant le vecteur permettant la colonisation de l'insecte. L'équipe ('Génomique fonctionnelle et facteurs de virulence') a concentré ses travaux sur la composante bactérienne de cette triple association, et a été fortement impliquée dans le séquençage du génome de *Photorhabdus* publié en 2003. Les données issues de ce séquençage ont permis l'émergence, dans l'équipe, de plusieurs thèmes de recherche originaux relatifs au pouvoir pathogène de *Xenorhabdus* ou de *Photorhabdus* chez



l'insecte. Ainsi, l'équipe a montré que des régions particulières du génome, comprenant des gènes impliqués dans le pouvoir pathogène de la bactérie et dans son interaction avec l'environnement, présentent une plasticité génomique importante. Ces régions sont sujettes à des réarrangements, susceptibles de jouer un rôle dans l'adaptation de la bactérie à son environnement. L'équipe a également montré que, chez *Xenorhabdus*, le régulateur central de la mobilité FlhDC est impliqué, par l'intermédiaire d'un régulateur secondaire, dans le contrôle de l'expression de gènes codant pour des hémolysines actives chez l'insecte. Enfin, plusieurs aspects de l'interaction bactérie-hôte durant le processus infectieux ont été étudiés à l'aide de marqueurs fluorescents, avec comme modèles *Xenorhabdus* pour la bactérie et *Spodoptera* pour l'insecte. Sur ces thématiques, l'équipe a produit un excellent travail et reste une équipe leader au niveau international dans son domaine.

L'équipe a publié 14 articles en 5 ans, dont 9 dans des journaux d'impact factor très honorables. Pour six de ces publications, les membres de l'équipe apparaissent en première ou en dernière position dans la liste des auteurs. Les travaux sur la plasticité génomique et sur la régulation de l'expression de gènes de virulence ont été publiés dans des journaux à fort impact factor (*Genome Biology* et *Molecular Microbiology*). Les travaux réalisés sur les facteurs de virulence de *Photorhabdus* et de *Xenorhabdus* ont également été publiés dans d'excellents journaux, en collaboration avec l'équipe de Michel Brehelin. En revanche, les résultats obtenus dans le domaine du processus infectieux n'ont pas été totalement valorisés sous forme de publications. Il faut noter qu'un enseignant-chercheur de l'équipe n'est pas publiant sur la période considérée (2005-2009), reflétant vraisemblablement son implication forte en enseignement, formation et organisation des enseignements.

Thèse en cotutelle Université Montpellier 2-Université Saint-Joseph de Beyrouth.

Participation régulière à des conférences, mais dont le rayonnement internationale est modeste. Le savoir-faire de l'équipe est valorisé par un partenariat avec un industriel dans le domaine de la protection des cultures.

- **Appréciation sur le rayonnement, l'attractivité, et l'intégration de l'équipe ou du projet dans son environnement :**

Ces 5 dernières années, les membres de cette équipe ont été invités à 4 conférences internationales.

Le comité a noté le faible nombre de doctorants et/ou postdoctorants présents dans l'équipe, malgré l'investissement important de membres de l'équipe dans les structures d'enseignement de l'Université de Montpellier, conséquence probable du nombre limité de seniors ayant valorisé leur compétence d'encadrant par une HDR.

L'équipe bénéficie de deux contrats privés (Bayer et Nosopharm), de 2 contrats internationaux (Cèdre et AUF) d'un projet ANR accepté et d'un projet généoscope 2007-2008 dont les niveaux de financement sont modestes. Collaboration avec le consortium américain impliqué dans le séquençage des génomes de *Xenorhabdus*

Les articles publiés récemment ont un taux de citation annuel moyen compris entre 5 et 7, ce qui reflète un bon impact scientifique et favorise des collaborations nationales ou internationales. A la suite du séquençage du génome de *Photorhabdus*, les équipes d'Alain Givaudan et d'Antoine Danchin (Institut Pasteur) ont poursuivi leur collaboration. L'équipe collabore également avec le groupe de Hinrich Schulenburg (Kiel, Allemagne) et a développé des collaborations ponctuelles avec d'autres partenaires nationaux ou internationaux. A l'intérieur de l'unité, une collaboration avec l'équipe de Michel Brehelin s'est traduite par 3 articles dans d'excellents journaux.

- **Appréciation sur la stratégie, la gouvernance et la vie de l'équipe ou du projet**

Le Maître de conférence de l'équipe est fortement impliqué dans l'enseignement : responsable du parcours microbiologie en Licence et enseignement dans plusieurs UE de licence et dans deux master. Implication également des autres chercheurs statutaires en master et formation IUT.

- **Appréciation sur le projet :**

Cette équipe prévoit de s'organiser autour de 4 projets. Deux de ces projets se situent dans la continuité des thématiques développées précédemment, et les deux autres constituent une nouvelle orientation. Le premier projet est l'étude de l'expression de gènes au cours du processus infectieux à l'échelle de la cellule bactérienne unique. Cette étude doit être réalisée chez l'hôte. Elle est donc originale, comparativement à des programmes de même nature menés in vitro par d'autres groupes de recherche, mais difficile à mettre en oeuvre. Sur le plan technique, d'une part le niveau d'expression des gènes bactériens est susceptible d'évoluer pendant l'isolement par microdissection des bactéries présentes chez l'hôte, d'autre part un niveau faible d'intensité de fluorescence risque



d'être un facteur limitant compte tenu de l'utilisation prévue de marqueurs fluorescents instables et en fonction du choix des promoteurs étudiés. Un second projet, également dans la continuité des programmes antérieurs, concerne l'identification de nouveaux facteurs de virulence en utilisant deux approches: la caractérisation des régions de plasticité génomique, et la comparaison de génomes de souches virulentes et de souches avirulentes. Ce projet, présente peu de risques et devrait contribuer significativement à la connaissance des déterminants du pouvoir pathogène de *Photorhabdus* et *Xenorhabdus*. Le troisième projet, est centré sur les bases génétiques de la résistance aux peptides antimicrobiens chez *Photorhabdus*. Il représente une orientation nouvelle pour l'équipe mais se situe en cohérence avec ses thématiques principales. Ce projet comprend deux actions et ne paraît pas présenter de difficultés techniques majeures. L'une de ces actions est l'identification des gènes présents dans le régulon PhoPQ, impliqué dans le pouvoir pathogène de la bactérie et dans la résistance aux peptides antimicrobiens, à l'aide d'une approche transcriptomique et par chromatine immuno-précipitation. L'autre action concerne la détermination du rôle de l'opéron *dlt* dans la résistance aux peptides antimicrobiens. Enfin, le dernier projet, concerne l'étude de *Photorhabdus asymbiotica* en tant que pathogène humain, avec d'une part l'analyse de la prévalence de cette espèce en milieu hospitalier, et d'autre part le mode d'action de l'hémolysine homologue de XaxAB. Ce projet introduit un nouveau modèle bactérien (*P. asymbiotica*), et entraîne l'équipe vers une problématique de santé humaine. Il s'écarte des autres thématiques de l'équipe et de l'unité, et des thématiques du département SPE de la tutelle INRA.

Les projets présentés par cette équipe d'Alain Givaudan sont, pour partie, originaux mais avec certaines difficultés techniques, et pour partie moins originaux mais sans difficultés techniques majeures. Ils forment un projet global équilibré, dont chaque composante contribue, de façon complémentaire, à l'analyse des bases génétiques du pouvoir pathogène de *Photorhabdus* et de *Xenorhabdus*. Ceci à l'exception du projet centré sur *P. asymbiotica*, qui se situe en marge des autres projets.

- Conclusion

- Avis :

Cette équipe présente un excellent bilan scientifique, avec un bon niveau de publications. Elle bénéficie d'une bonne reconnaissance internationale dans son domaine de recherche. Les avancées que cette équipe a réalisées dans les domaines génomiques et génétiques chez *Photorhabdus* et *Xenorhabdus*, aussi bien que son savoir faire, lui permettent de présenter des projets à la fois ambitieux et réalisables.

- Points forts et opportunités :

La reconnaissance internationale de l'équipe, son engagement sur des thèmes de recherche ambitieux et son historique très favorable devraient lui permettre d'initier de nouvelles collaborations nationales et internationales, et de réaliser des projets financés.

- Points à améliorer et risques :

Le faible niveau de financement sur projets extérieurs à l'INRA, et le nombre réduit de doctorants et/ou postdoctorants constituent des faiblesses que l'équipe a les moyens de surmonter.

- Recommandations

Le comité recommande l'abandon progressif du projet sur *P. asymbiotica*, et conseille, à terme, le recentrage sur un seul modèle bactérien, sauf justification scientifique pertinente. Les moyens ainsi dégagés pourraient venir en renfort des autres projets. Le comité recommande également la participation des enseignants chercheurs à des actions de recherche donnant lieu à des publications.

Pour contribuer à la consolidation de la visibilité nationale et internationale de l'équipe, il est également recommandé de renforcer l'attractivité de l'équipe pour les étudiants (augmentation des capacités d'accueil par augmentation du nombre d'HDR) et postdoctorants, et de s'engager dans une dynamique de participation à des conférences à rayonnement plus large, tant en microbiologie qu'en interaction hôtes-pathogènes.



Equipe 3 : Ressources Biologiques et Génétiques des Bactéries et Nématodes Entomopathogènes

Responsable : M. Patrick Tailliez

	Bilan	Projet
N1 : Nombre d'enseignants-chercheurs (cf. Formulaire 2.1 du dossier de l'unité)	1	1
N2 : Nombre de chercheurs des EPST ou EPIC (cf. Formulaire 2.3 du dossier de l'unité)	0	0
N3 : Nombre d'autres enseignants-chercheurs et chercheurs (cf. Formulaire 2.2 et 2.4 du dossier de l'unité)	0	0
N4 : Nombre d'ingénieurs, techniciens et de personnels administratifs titulaires (cf. Formulaire 2.5 du dossier de l'unité)	2.85	2.85
N5 : Nombre d'ingénieurs, techniciens et de personnels administratifs non titulaires (cf. Formulaire 2.6 du dossier de l'unité)	0	0
N6 : Nombre de doctorants (cf. Formulaire 2.7 du dossier de l'unité)	0	1
N7 : Nombre de personnes habilitées à diriger des recherches ou assimilées	1	1

- **Appréciation sur la qualité scientifique et la production :**

L'équipe est spécialisée dans la taxinomie des bactéries *Photorhabdus* et *Xenorhabdus* symbiotes de nématodes et pathogènes des insectes hôtes et cibles des nématodes et bénéficie de la reconnaissance internationale établie par N. Boemare. Elle a su maintenir cette reconnaissance internationale, en particulier sur la classification des espèces de ces bactéries. L'équipe a su d'une manière admirable s'accaparer les nouveaux outils de génomique afin d'améliorer la connaissance de la phylogénie de ces espèces bactériennes. En collaboration avec l'équipe 2 de l'UMR, elle a identifié des souches virulentes et non virulentes de *Xenorhabdus* dont le séquençage, en cours, contribuera à l'étude des facteurs de virulence des bactéries pour les hôtes insecte. De plus, l'accès à ces génomes complets ouvre un champ de recherche nouveau pour les études évolutives et d'adaptation à l'hôte. Enfin, l'équipe est novatrice, -et jeune - dans l'étude de la co-évolution des bactéries et hôtes symbiotiques (nématodes). Dans les domaines concernés, l'impact de ses activités est forte au niveau international.

Neuf publications directement issues des activités de l'équipe, dans des revues de bonne qualité (BMC Evol Biol, J Evol Biol) et spécialisées, ainsi que des chapitres d'ouvrages. 13 publications résultantes des activités précédentes des membres de l'équipe. Participation active à des réunions nationales, mais faible à des conférences internationales. Encadrement thèse en co-tutelle (France-Liban). Accueil de plusieurs étudiants M1 ou M2 et interaction avec des équipes du bassin méditerranéen. En conclusion, une bonne valorisation.

- **Appréciation sur le rayonnement, l'attractivité, et l'intégration de l'équipe ou du projet dans son environnement :**

La réputation repose sur l'expertise en taxinomie bactérienne du groupe concerné. Paradoxalement, elle ne se traduit pas par des invitations à des conférences. L'expertise du groupe sur la systématique des bactéries *Xenorhabdus* et *Photorhabdus* est sollicitée pour l'accueil de courte et moyenne durée de stagiaires, principalement du bassin méditerranéen. Le champ thématique, quoiqu'essentiel, pour la connaissance de ce système biologique bactérie-nématode-insecte n'est probablement pas propice à l'accueil de post doctorant.



L'équipe a su s'associer aux activités internationales menées à la fois par d'autres équipes de l'UMR et d'autres groupes autour de la génomique des bactéries *Photobacterium* et *Xenorhabdus*. Le partenariat au travers de ces actions est donc stable puisque de nouveaux séquençages sont attendus.

- **Appréciation sur la stratégie, la gouvernance et la vie de l'équipe ou du projet :**

Equipe de petite taille, ne nécessitant pas de fortes modalités de gouvernance. Bon réseau de collaborations. Le manque d'invitation à des conférences à l'étranger nécessiterait une amélioration de la communication vers l'extérieur.

Participation à la sélection de nouveaux génomes à séquencer et investissement pour les programmes relevant de génomique comparative. Collaboration internationale avec des spécialistes des nématodes pour compléter la compétence en bactériologie pour les études de co-phylogénie et adaptation nématodes-bactéries

Le Maître de Conférences de l'équipe est très impliqué dans l'organisation des enseignements aussi bien en L3 (responsable d'UE), qu'en Master (co-directeur d'une spécialité, responsable d'un parcours...).

Au niveau de l'Ecole Doctorale SIBAGHE, les deux statutaires scientifiques s'impliquent dans des filières de formation et dans la direction (membre du bureau, conseil de l'ED). A souligner l'implication ponctuelle d'un personnel technique INRA dans des TP de licence.

- **Appréciation sur le projet :**

Le projet est pour une part en continuation des activités précédentes (co-phylogénie bactéries-nématodes, génomique bactérienne comparative) et propose une ouverture intéressante sur l'analyse des populations naturelles des nématodes entomopathogènes. L'ensemble du projet est homogène et bien construit. La faisabilité des deux premiers volets est forte, notamment par l'interaction avec les autres équipes de l'UMR pour la génomique et l'identification de facteurs de colonisation et de virulence des bactéries pour les nématodes et les insectes hôtes. Le dernier volet plus novateur réclamera un effort important en approche d'échantillonnage (lien avec le CBGP ?) et de nouvelles compétences en analyse de données populationnelles. Il nécessitera l'établissement d'un réseau de collaborations solides tel qu'il est proposé dans le projet. Cette approche devrait apporter une composante appliquée importante sur les systèmes nématodes-bactéries-insectes et conforter les compétences sur les nématodes permettant de maintenir la visibilité internationale de l'équipe.

Les compétences pour le développement du programme autour de la génomique comparative des bactéries ont été mises en place précédemment. On peut craindre une faiblesse dans la réalisation de ce programme par manque de ressources humaines.

L'originalité du projet doit inciter au recrutement de doctorant ou post doctorant. Le nouveau projet sur les populations de nématodes nécessite également des ressources humaines et justifie la demande d'affectation d'une aide technique qualifiée.

L'équipe continue de garder son originalité dans le cadre de la taxinomie et de la génomique évolutive des taxa bactériens étudiés. Les risques pris sont faibles, d'autant que le matériel biologique obtenu est original (souches naturellement avirulentes). Par contre le développement du second projet sur les populations de nématodes contient une part de risque non négligeable, principalement liée à la disponibilité en ressources humaines sur un tel projet d'envergure bien qu'il soit conçu dans un cadre collaboratif. Les développements proposés sont tout à fait originaux pouvant contribuer tant à l'étude de la biodiversité qu'à des développements appliqués pour le contrôle des insectes phytopathogènes.

- **Conclusion :**

- **Avis global :**

L'équipe a su garder l'expertise et l'excellence scientifique du passé sur les bactéries *Xenorhabdus* et *Photobacterium*, en intégrant des approches de génomique comparative. Le projet « génomique et co-phylogénie » est solide, en continuité avec le bilan. Le nouvel axe proposé sur l'évolution spatio-temporelle des populations de nématodes est original et devrait conforter la visibilité de l'équipe sur les nématodes entomopathogènes.



– Points forts et opportunités :

La force de l'équipe réside dans son expertise en taxinomie bactérienne et dans le couplage avec les approches de génomique comparative. Les contrats avec le Genoscope pour le séquençage de souches uniques (avirulentes) représentent une opportunité pour garder une excellence internationale. Les interactions existantes avec les partenaires de recherches et techniques régionaux constituent une force pour le développement du nouvel axe de recherche sur les nématodes.

– Points à améliorer et risques :

La taille actuelle de l'équipe est probablement trop faible par rapport aux 3 axes proposés, d'autant que l'un des scientifiques de l'équipe est le directeur pressenti de la nouvelle UMR.

– Recommandations

Concentrer l'activité sur les projets déjà initiés : co-phylogénie bactéries-nématodes et génomique comparative.

Evaluer la faisabilité (adéquation ressources-projet) et établir le réseau de collaborations pour le l'étude de l'évolution spatio-temporelle des populations de nématodes entomopathogènes.

Devant la masse critique des ETP, veiller à réduire les objectifs en fonction des ETP disponibles.

Renforcer l'accueil d'étudiants en Master 2 et ouvrir à l'accueil de doctorants nationaux ou étrangers. Accroître la visibilité à l'international par des participations à des réunions internationales et stimuler les communications invitées à des congrès.

Equipe 4 : Nouvelle Equipe "Protéomique de l'interaction *Spodoptera frugiperda*- microorganismes"

Responsable : Bernard Duvic

	Bilan	Projet
N1 : Nombre d'enseignants-chercheurs (cf. Formulaire 2.1 du dossier de l'unité)	2	1,5,
N2 : Nombre de chercheurs des EPST ou EPIC (cf. Formulaire 2.3 du dossier de l'unité)	3	1
N3 : Nombre d'autres enseignants-chercheurs et chercheurs (cf. Formulaire 2.2 et 2.4 du dossier de l'unité)	0	0
N4 : Nombre d'ingénieurs, techniciens et de personnels administratifs titulaires (cf. Formulaire 2.5 du dossier de l'unité)	1	1
N5 : Nombre d'ingénieurs, techniciens et de personnels administratifs non titulaires (cf. Formulaire 2.6 du dossier de l'unité)	0	0
N6 : Nombre de doctorants (cf. Formulaire 2.7 du dossier de l'unité)	2	0
N7 : Nombre de personnes habilitées à diriger des recherches ou assimilées	2	0

• **Appréciation sur la qualité scientifique et la production :**

La thématique de cette équipe est centrée sur l'impact des facteurs de virulence des bactéries entomopathogènes *Photorhabdus* et *Xenorhabdus* sur la réponse immunitaire de *Spodoptera* et sur la caractérisation des effecteurs de la réponse immunitaire de la chenille.



De fait une large partie des travaux relève plutôt de l'identification et de la caractérisation de facteurs de virulence des bactéries avec une certaine diversité des systèmes étudiés. Cependant des résultats originaux ont été obtenus et valorisés (protéines Cif-like, en particulier).

Sur l'aspect réponse immunitaire proprement dite, une approche de génomique fonctionnelle a conduit à la caractérisation d'une nouvelle famille de protéines spécifique des Lépidoptères, les X-tox, apparentées aux défensines d'insecte, mais ayant perdu leur activité antimicrobienne. La fonction reste à préciser et devrait conduire à des résultats originaux.

5 publications directement sur le thème de l'équipe dans des journaux spécialisés à impact honorable, 1 revue, 5 publications en collaboration avec l'équipe 2 (Givaudan) dans d'excellents journaux, 9 publications issues de travaux antérieurs ou en collaboration hors UMR. Bonne activité globale de publication.

- **Appréciation sur le rayonnement, l'attractivité, et l'intégration de l'équipe ou du projet dans son environnement :**

5 Invitations à des conférences internationales principalement spécialisées sur l'immunité des insectes et une au collège de France.

Formation de 2 doctorants, dont un en co-tutelle avec l'université des Açores, pas d'accueil de postdoc. Pas de financements spécifiques identifiés.

- **Appréciation sur la stratégie, la gouvernance et la vie de l'équipe ou du projet :**

Suite au départ en septembre 2009 du chef de la précédente équipe (M. Brehélin) et au souhait d'un des chercheurs de rejoindre l'équipe 6 dirigée par A. Volkoff, l'équipe « Immunité et Immunodépression chez les insectes n'est pas maintenue. Dans le cadre de la fusion des unités BIVI & EMIP au sein du DGIMI, il est proposé la création d'une nouvelle équipe autour du projet émergent : « Protéomique de l'interaction *Spodoptera frugiperda*-microorganismes ».

Implication forte des 2 MCF à l'enseignement et responsabilité universitaire (direction licence de biologie et diverse UE)

- **Appréciation sur le projet :**

L'objectif du projet est de rechercher, par une approche protéomique globale, les protéines du lépidoptère *Spodoptera frugiperda* dont l'expression est modulée par l'introduction de *Photobacterium* dans le compartiment hémolympatique de l'insecte, puis d'identifier les facteurs produits par le pathogène et responsables de la réponse de l'hôte.

Ce projet se situe en interaction avec les thématiques de l'équipe 2. Le choix du compartiment hémolympatique correspond au site de multiplication des bactéries entomopathogènes et au site de production d'un grand nombre d'effecteurs de la réponse immunitaire des insectes. Ce choix permet également de diminuer la complexité du mélange protéique et de travailler sur des protéines solubles.

Cependant, qu'il s'agisse de la structuration de l'équipe ou de la question scientifique posée, le projet n'apparaît pas suffisamment mature.

Au niveau méthodologique, les approches utilisées pour identifier les facteurs induisant la réponse de l'hôte et produits par le pathogène manquent de clarté. Une étude sur la variabilité des protéomes hémolympatiques en l'absence d'infection semble nécessaire.

Les principales remarques :

Manque de focalisation sur une réelle approche d'analyse protéomique globale du système avec plutôt l'utilisation d'approches visant à identifier des gènes candidats.

Les études proposées ou en cours des gènes candidats relèvent plus de l'analyse transcriptionnelle que d'une analyse protéomique ou biochimique. Cette orientation est probablement à corriger avec une expertise limitée de l'équipe en biochimie des protéines qui de fait s'appuie sur les compétences apportées par les plateformes technologiques en protéomique sur le site de Montpellier



L'approche différentielle proposée utilise *E. coli* versus des souches pathogènes de *Photobacterium*. L'utilisation de souches virulentes et avirulentes de la même espèce bactérienne serait plus judicieux. De même, l'utilisation de *P. asymbiotica* mériterait d'être argumentée, car ce choix pourra être source de dispersion.

En revanche, poursuivre la caractérisation des gènes candidats précédemment identifiés par analyse transcriptomique (Spod 11-tox, par exemple) semble prometteur.

- Conclusion

- Avis :

Projet encore trop jeune, qui mérite d'être recentré sur une question biologique (pourquoi pas l'immunité par exemple) plutôt que sur un affichage technologique. Mieux intégrer des stratégies multi-approches transcrits/protéines, d'autant que le développement des ressources génomiques par l'Equipe 1 est un atout.

- Points forts et opportunités :

La force du projet est d'être au coeur des objectifs et stratégies de l'UMR, autour de l'objet central (*Spodoptera*) : profiter des opportunités pour afficher davantage de liens avec les autres équipes (1, 2 ou 6).

- Points à améliorer et risques :

Taille de l'équipe et degré de compétence en biochimie des protéines.

- Recommandations

Il apparaît souhaitable de poursuivre l'analyse des gènes candidats au sein d'une des équipes existantes de l'UMR, tout en poursuivant la maturation d'un projet de protéomique ambitieux.

Equipe 5 : "Pénétration et invasion virale"

Responsable : Mylène Ogliastro

	Past	Future
N1 : Nombre d'enseignants-chercheurs (cf. Formulaire 2.1 du dossier de l'unité)	3	2
N2 : Nombre de chercheurs des EPST ou EPIC (cf. Formulaire 2.3 du dossier de l'unité)	1	1
N3 : Nombre d'autres enseignants-chercheurs et chercheurs (cf. Formulaire 2.2 et 2.4 du dossier de l'unité)	1	1
N4 : Nombre d'ingénieurs, techniciens et de personnels administratifs titulaires (cf. Formulaire 2.5 du dossier de l'unité)	3	3
N5 : Nombre d'ingénieurs, techniciens et de personnels administratifs non titulaires (cf. Formulaire 2.6 du dossier de l'unité)	0	0
N6 : Nombre de doctorants (cf. Formulaire 2.7 du dossier de l'unité)	2	1
N7 : Nombre de personnes habilitées à diriger des recherches ou assimilées	1	2

- Appréciation sur la qualité scientifique et la production :

Les résultats principaux obtenus au cours de la période 2006-2009, sont la caractérisation des voies d'infection et de transmission du densovirus JcDNV, en particulier la mise en évidence du mécanisme d'entrée du densovirus dans les cellules cibles par endocytose médiée par les clathrines. La production scientifique a été très bonne avec 25



publications, principalement dans des journaux de Virologie, cependant il faut noter que celles-ci correspondent pour une large part à des collaborations liées à l'expertise de chercheurs partant à la retraite, la nouvelle thématique ayant été validée par un article dans Journal of Virology, une revue de référence dans ce domaine et un article en cours de révision.

- **Appréciation sur le rayonnement, l'attractivité, et l'intégration de l'équipe ou du projet dans son environnement :**

Nombreuses présentations à des réunions nationales et internationales, et une dizaine de séminaires invités.

Formation de 2 doctorants , Encadrement d'un Doctorant et Co -encadrement de 2 doctorants. Accueil de 2 postdoc.

Financement privé dont une bourse CIFRE, 2 financements internationaux.

Forte implication dans des projets collaboratifs établis de longue date.

- **Appréciation sur la stratégie, la gouvernance et la vie de l'équipe ou du projet :**

Implication forte en enseignement, formation et responsabilité universitaire des deux enseignants chercheurs (un professeur EPHE et une MCF UM2, adjoint d'un ATER et d'un ADJ EPHE).

- **Appréciation sur le projet :**

Il s'agit d'un thème de recherche original impliquant différentes approches de virologie portant sur une famille de parvovirus d'insectes, les densovirus, des virus découverts à l'origine par le laboratoire. Les densovirus infectant les principaux groupes d'insectes pourraient être utilisés comme agents de contrôle biologique et cette utilisation nécessite de connaître différents aspects de leur biologie en particulier leur mode d'infection, leur spécificité d'hôte et leur mode d'évolution. Les projets pour le quadriennal 2011-2014 sont originaux et ambitieux. Le premier volet porte sur l'identification du récepteur de JcDNV permettant l'entrée dans les cellules. Le deuxième volet consiste en l'étude de l'adressage intracellulaire menant les particules au noyau et de la libération de l'ADN viral des particules dans le noyau. Le troisième volet porte sur l'analyse de la réponse transcriptomique des cellules de l'hôte à l'infection. Enfin, un quatrième volet consiste à caractériser le déterminisme du spectre d'hôte notamment en réalisant des virus chimères entre virus généraliste et virus à spectre d'hôte restreint et à conduire des cycles successifs d'infection en alternant ou non les hôtes, suivis du séquençage des génomes viraux obtenus. Il s'agit ainsi d'étudier expérimentalement l'influence du régime d'hôtes sur l'évolution du génome viral (qui est de petite taille).

- **Conclusion :**

- **Avis :**

Projet de recherche original. Focaliser les questions posées au regard de la taille de l'équipe.

- **Points forts et opportunités :**

L'originalité du modèle d'étude, le leadership historique de l'équipe dans ce domaine et ses ressources biologiques (nombreux isolats de densovirus) sont les points forts principaux. Les autres atouts sont le dynamisme et la motivation de la jeune équipe. L'équipe a déjà su obtenir des financements sur les thèmes récemment abordés, attention qui doit être poursuivie pour maintenir l'attractivité de l'équipe et l'accueil d'étudiant et/ou postdoc.

- **Points à améliorer et risques :**

L'équipe connaît une évolution importante dans sa composition, avec plusieurs départs à la retraite et de nouveaux membres arrivés au cours du contrat qui ont mis en oeuvre la thématique actuelle. Celle-ci a déjà fait l'objet d'une bonne publication, mais elle doit prendre de l'ampleur pour compenser au moins en partie la perte de chercheurs ayant une forte activité de publications liée à leur reconnaissance internationale. L'équipe sous sa forme nouvelle doit faire ses preuves au cours du prochain contrat.



De façon plus spécifique, l'objectif d'identification du récepteur au densovirus doit être abordée avec une prudence certaine dans la mesure où cette famille de virus peut utiliser une grande variété de molécules. La commission recommande d'adapter les efforts aux attentes.

– **Recommandations :**

Se focaliser sur les projets les plus porteurs pour tenir compte de ses effectifs encore réduits. La responsable doit impérativement passer son HDR.

Equipe 6 : "Biologie Intégrative des interactions Hôtes-parasitoïdes"

Responsable : Anne-Nathalie Volkoff

	Bilan	Projet
N1 : Nombre d'enseignants-chercheurs (cf. Formulaire 2.1 du dossier de l'unité)	0	0
N2 : Nombre de chercheurs des EPST ou EPIC (cf. Formulaire 2.3 du dossier de l'unité)	2	3
N3 : Nombre d'autres enseignants-chercheurs et chercheurs (cf. Formulaire 2.2 et 2.4 du dossier de l'unité)	3	3
N4 : Nombre d'ingénieurs, techniciens et de personnels administratifs titulaires (cf. Formulaire 2.5 du dossier de l'unité)	2	1,9
N5 : Nombre d'ingénieurs, techniciens et de personnels administratifs non titulaires (cf. Formulaire 2.6 du dossier de l'unité)	0	0
N6 : Nombre de doctorants (cf. Formulaire 2.7 du dossier de l'unité)	1	1
N7 : Nombre de personnes habilitées à diriger des recherches ou assimilées	1	2

• **Appréciation sur la qualité scientifique et la production :**

Les résultats principaux obtenus au cours de la période 2006-2009, sont (i) la mise en évidence et la caractérisation d'une réponse transcriptionnelle de l'hôte à l'infection par les polydnavirus (puces à ADN), (ii) la caractérisation des machineries virales qui produisent les particules des deux types de polydnavirus ichnovirus et bracovirus, (iii) la caractérisation de l'organisation du génome viral dans le génome de la guêpe. L'activité de publication est très bonne (3 publications majeures sur la période 2006-2010, BMC Genomics, Science, Plos Pathogens) ce qui a permis l'obtention récente du grade de Directeur de Recherche par la responsable et s'accompagne d'une reconnaissance internationale, marquée par des collaborations (Etats-Unis, Brésil). D'autre part, l'équipe participe à quelques enseignements en Entomologie et Microbiologie.

• **Appréciation sur le rayonnement, l'attractivité, et l'intégration de l'équipe ou du projet dans son environnement :**

Participation régulière à des réunions principalement francophones, dont une invitation.

Accueil récente d'un doctorant et d'un post doctorant.

Obtention de nombreux financements en partenariat (3 financements ANR, 4 financements Génomscope) et d'un financement international en qualité de PI (CAPES/COFECUB).



- **Appréciation sur la stratégie, la gouvernance et la vie de l'équipe ou du projet :**

Dynamique d'équipe et de collaborations externes comme l'attestent les financements en partenariat. Ceci tout en ayant assuré la fonction de direction adjointe de l'Unité.

Implication honorable à l'enseignement du responsable de l'équipe et d'un ATER.

- **Appréciation sur le projet :**

Les projets pour le quadriennal 2011-2014 sont originaux et ambitieux. Ils comportent 3 volets. Le premier volet est une étude physiologique et moléculaire visant à caractériser les cibles des facteurs de virulence produits par le polydnavirus HdIV par une approche gène candidat et une approche transcriptomique (déjà engagée au cours du contrat précédent). Le deuxième volet doit comparer les facteurs de virulence produits dans un modèle sans PDV et un modèle avec PDV, il vise à identifier des facteurs impliqués dans l'établissement du spectre d'hôte d'un parasitoïde et doit comporter une approche d'analyse des populations, nouvelle pour l'équipe. Le troisième volet consiste à poursuivre la caractérisation de la forme intégrée et de la nature des Ichnovirus ainsi que d'autres particules sans ADN qui sont présentes chez une guêpe Ichnéumonide et pourraient correspondre à une forme dérivée des ichnovirus. L'approche utilisée sera celle qui a conduit au succès lors du précédent contrat. La thématique développée par cette équipe représente un point fort de l'unité.

- **Conclusion :**

- **Avis :**

Avis très favorable, il s'agit d'un thème de recherche très original basé sur l'étude d'une relation à trois partenaires (guêpe parasite, lépidoptère hôte, polydnavirus (PDV)). Cette thématique permet de poser des questions essentielles sur la nature des virus qui ne peuvent pas être vus seulement comme des pathogènes mais, dans le cas de ces associations, comme de véritables symbiotes utilisés par la guêpe comme outils pour transférer des gènes dans la chenille parasitée.

- **Points forts et opportunités :**

L'originalité du projet et du modèle d'étude est le point fort principal de cette équipe. Les autres atouts de l'équipe sont le dynamisme de la porteuse de projet, l'attractivité manifestée par plusieurs recrutements dans le cadre de la mobilité, l'existence d'un réseau de collaborations bien établi national (2 contrats ANR successifs) et international, et le financement sur contrats.

- **Points à améliorer et risques :**

Un point faible de l'équipe est le nombre de projets envisagés qui malgré le recrutement d'un chercheur supplémentaire pourrait conduire à une dispersion retardant la valorisation des résultats en terme de publications ; ceci d'autant que la responsable de l'équipe se propose de consacrer 30% de son temps à la direction de la future UMR. Le comité encourage l'équipe à hiérarchiser clairement ses projets.

- **Recommandations :**

L'impact des travaux sur la physiologie sera plus important si l'équipe parvient à mettre au point des tests fonctionnels en particulier l'extinction de l'expression des gènes par interférence ARN chez le lépidoptère hôte *Spodoptera frugiperda*. Ceci permettrait de déterminer expérimentalement le rôle des facteurs de virulence et d'étudier le rôle de leur cibles -qui doivent être identifiées par ailleurs dans le cadre du projet- dans la réponse immunitaire. D'autre part, les études de populations devront se faire dans le cadre d'une collaboration bien formalisée avec une équipe possédant une bonne expertise dans ce domaine. Pour contribuer à la consolidation de la visibilité nationale et internationale de l'équipe, il est également recommandé de s'engager dans une dynamique de participation à des conférences à rayonnement plus large, tant en virologie qu'en interaction hôtes-pathogènes.



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	B	A	A

Nom de l'équipe : ÉPIGÉNÉTIQUE, HOLOCENTRISME ET ADAPTATION DE L'INSECTE

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	A	A

Nom de l'équipe : ETUDE PROTÉOMIQUE DE L'INTERACTION S. FRUGIPERDA - MICROORGANISMES

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	Non noté	Non noté	Non noté	C



Nom de l'équipe : GÉNOMIQUE FONCTIONNELLE & FACTEURS DE VIRULENCE BACTÉRIENS

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	B	A	A

Nom de l'équipe : DYNAMIQUE DES INTERACTIONS DENSOVIRUS - INSECTES

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	B	A	A

Nom de l'équipe : RESSOURCES BIOLOGIQUES & GÉNÉTIQUES DES BACTÉRIES ET NÉMATODES ENTOMOPATHOGÈNES

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

Nom de l'équipe : BIOLOGIE INTÉGRATIVE DES INTERACTIONS HÔTE-PARASITOÏDES

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	A	A

La Présidente

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

Monsieur le Directeur,

Cabinet de la Présidence

Tél. +33(0) 467 143 015
Fax +33(0) 467 144 808
presidence@univ-montp2.fr
www.univ-montp2.fr

Place Eugène Bataillon
34095 Montpellier cedex 5
France

Affaire suivie par :
Christian Périgaud
vpcs@univ-montp2.fr

Je souhaite remercier le comité d'expertise pour l'évaluation de l'unité "**Diversité, Génomes et Interactions Microorganismes-Insectes (DGIMI)**" pour la qualité du rapport d'évaluation fourni à l'issue de la visite.

Comme nombre d'autres sites universitaires en France, le site de Montpellier est en cours d'évolution avec la récente création d'un pôle de recherche et d'enseignement supérieur (PRES), ayant deux missions essentielles : accompagner les trois universités montpellieraines dans un processus de fusion et assurer la mise en œuvre de l'opération Campus.

L'Université Montpellier 2 est caractérisée par une activité de recherche fondamentale et pluridisciplinaire fortement associée à la majorité des organismes nationaux de recherche. Dans le respect de nos engagements, cette évolution s'est traduite récemment au sein de notre établissement par la création de Pôles de Formation et de Recherche (PFR) permettant d'accroître la visibilité de notre activité scientifique à l'échelle nationale et internationale.

Le PFR EVAP (Eau, Vie, Agroalimentaire, Planète) auquel le laboratoire DGIMI est rattaché, est l'un des cinq PFR créés qui ont pour missions :

- de promouvoir l'excellence de la formation, de la recherche, de l'innovation et de la culture scientifique sur les champs thématiques qu'il porte, d'en renforcer la visibilité internationale et d'organiser les interdisciplinarités en interne et avec les autres PFR;
- de promouvoir la mise en cohérence des politiques de formation et de recherche en son sein ;
- de mutualiser en son sein, les plateaux techniques, les ressources documentaires, mais aussi d'harmoniser les services en charge de la communication, des relations internationales et de la valorisation, des structures de recherche impliquées dans le pôle, dans le cadre de la politique de l'établissement;
- de fournir aux services centraux de l'établissement les données pertinentes en matière de formation et de recherche, mais également d'insertion, de valorisation, et de gestion des ressources humaines, nécessaires au pilotage de l'établissement en matière de politique pédagogique et scientifique.



1809-2009
Bicentenaire de l'UM2

Le pôle EVAP recouvrant le large secteur de "l'agro-environnement" représente un des principaux atouts du site de Montpellier, avec une visibilité au niveau mondial tant en recherche fondamentale que finalisée.


Dans le cadre de son projet de développement 2011-2014, l'Université Montpellier 2 affiche une forte volonté de s'investir, plus encore que par le passé, au sein de ce pôle.

Notre contribution à l'activité de ce dernier repose sur l'expertise et le savoir faire de nos laboratoires en matière d'ingénierie des milieux naturels et anthropisés méditerranéens et tropicaux et leur implication dans l'observation du milieu. Cette activité trouve notamment son application dans l'étude de la diversité des espèces et de leur patrimoine génétique ainsi que des interactions entre organismes à différents niveaux d'organisation (cellule, organisme entier, population), de leur évolution et de leurs fonctions dans la dynamique des écosystèmes, qui assurent des services écologiques vitaux.

A ce titre, l'axe "Interaction microorganismes-hôtes", qu'illustrent les thématiques de recherche portées par cette unité, centré sur l'identification de mécanismes, communs ou spécifiques, impliqués dans les interactions biotiques entre divers organismes pathogènes ou bénéfiques (virus, bactéries, champignons, parasites) et différents hôtes (plantes, insectes, mammifères), se retrouve dans de nombreuses équipes du site montpellierain et associe de réelles compétences et complémentarités. Notre établissement entend contribuer à la structuration de cette communauté, lui permettant d'accroître sa visibilité nationale et internationale.

L'Université Montpellier 2 soutiendra donc, dans la mesure de ses moyens et dans une démarche prospective associant l'ensemble des partenaires, l'activité scientifique de ce laboratoire dans le cadre du prochain contrat quadriennal. A ce titre, notre établissement défendra notamment, dans le cadre du projet immobilier associé à l'opération Campus, une extension comme une restructuration de ses locaux impliquant notamment leur réhabilitation.

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

A handwritten signature in black ink, appearing to read 'D. Herin', with a long, sweeping horizontal stroke extending to the right.

Danièle HERIN
Présidente de l'Université Montpellier 2



Institut National de la Recherche Agronomique



UMR « EMIP » INRA-UMII 1133

*Ecologie Microbienne des Insectes
et Interactions Hôte-Pathogène*

UMR « BIVI » INRA-UMII 1231

*Biologie Intégrative
et Virologie des Insectes*

Montpellier, le 20 avril 2010

**Réponses aux appréciations, avis et recommandations du Comité AERES
Bilans des UMR BIVI & EMIP - Projet de l'UMR DGIMI**

Les personnels des deux UMR remercient les membres du Comité AERES pour le travail d'analyse réalisé et les recommandations formulées. Quelques réponses et compléments sont portés ci-après à leur connaissance.

I - Concernant l'appréciation sur les deux unités BIVI et EMIP et sur le projet de fusion DGIMI

Points à améliorer et risques

Développement de la génomique fonctionnelle des Lépidoptères : Les différents outils de génomique fonctionnelle (RNAi *in vivo* et *in vitro*, transgénèse) devraient être développés durant le prochain quadriennal. En effet, cette activité est en cours depuis 2009 suite au recrutement d'une IE INRA (M. Eychenne). Un groupe de travail (animateur J.M. Escoubas) incluant des chercheurs de l'ensemble des équipes de l'Unité est en charge du suivi de cette activité. Par ailleurs la génomique fonctionnelle va s'appuyer sur les résultats de séquençage du transcriptome par la méthode Solexa/Illumina, dont une partie a été acquise par l'AIP Bioressources et une autre va l'être à travers les ANR en cours. Pour l'analyse bio-informatique, l'unité s'appuie sur des résultats fournis par une société privée (GATC), sur un réseau déjà en place à l'INRA (réseau BIOS) avec en particulier un interlocuteur dédié sur les données concernant les insectes (F. Legeai à l'INRA de Rennes) et sur un ingénieur en bioinformatique récemment recruté (I. Seninet).

Accentuer la mutualisation des compétences et des outils pour l'étude des interactions hôte-pathogènes : les outils génomiques (transcriptome de *Spodoptera*) sont déjà largement partagés et ceux de génomique fonctionnelle sont développés en concertation (voir ci-dessus) ; une plateforme d'expérimentation sur les insectes au service de l'ensemble de l'unité est en cours de réalisation ; un effort sera porté pour favoriser l'émergence de projets collaboratifs entre les équipes (en particulier recherche et études de cibles communes aux différents pathogènes étudiés) ; un poste de TR a été demandé en commun pour les 3 équipes plus directement intéressées à initier rapidement des études de populations naturelles et devrait être pourvu en septembre - octobre 2010.

Augmenter l'accueil des doctorants et l'attractivité pour les post-doctorants : 4 chercheurs et 1 enseignant-chercheur sont susceptibles d'obtenir leur HDR dans un délai proche (E. d'Alençon, B. Duvic, S. Gaudriault, M. Ogliastro, R. Zumbihl). Le nombre de post-doctorants accueilli est significatif mais cette donnée n'a pas été correctement documentée dans les tableaux du dossier. Ces données sont documentées dans le fichier joint sur les corrections des données factuelles dans la rubrique N3 : nombre d'autres enseignants-chercheurs et chercheurs.

Recommandations au Directeur et Directrice Adjointe

L'unité est constituée de 6 équipes de recherche qui s'articulent autour d'un responsable d'équipe, garant de la dynamique de l'équipe. Un risque évoqué de la fusion est l'augmentation de la compétitivité entre équipe au niveau des demandes de financement et/ou de poste, en particulier au niveau des tutelles. Afin de garantir une implication de l'ensemble des équipes autour d'une stratégie scientifique commune, des discussions régulières (mensuelles) entre les responsables d'équipes seront organisées, ce qui devrait également permettre une concertation pour les différentes demandes de financement et de poste ainsi que favoriser l'émergence de projets communs et/ou comparatifs.

Des groupes de travail visant à une rationalisation des différents postes de travail communs de la future unité DGIMI (gestion/secrétariat, plate-forme insecte, laverie, électrophorèse, extraction d'ARN, bactériologie, etc..) sont d'ores et déjà en cours. Ces groupes de travail, incluant des personnels de l'EMIP et de BIVI, vont favoriser l'intégration de l'ensemble des personnels et son implication dans la construction de la future unité.

Appréciation sur le rayonnement

Au vu de la place de certaines équipes dans le sphère du bassin méditerranéen, la direction et les responsables d'équipes sont particulièrement vigilants sur les projets de coopération scientifique qui se mettent en place actuellement soit au niveau de l'université de Montpellier (Erasmus Mundus Méditerranée) soit au niveau de l'INRA (coordonnateur d'ARIMNET), ces deux initiatives devant au cours du quadriennal permettre plus aisément les échanges d'étudiants (cotutelles de thèses) et le financement de projets de recherche (avec si possible l'arrivée de post-docs sur ces thématiques).

Appréciation sur la stratégie, la gouvernance et la vie de l'unité

La restructuration de l'unité ne doit pas impacter l'avancement de carrière des ITAs dans la mesure où l'option prise actuellement privilégie l'implication de chacun d'entre eux sur un ou deux projets de recherche identifiés et en même temps sur des missions d'intérêt collectif. Cet équilibre garantit leur possibilité de s'investir pleinement dans leur champ d'action. Le dispositif actuel d'avancement des agents INRA ne désavantagera pas les agents d'une unité fusionnée par rapport à ceux de deux unités séparées. La direction de l'unité restera vigilante sur les dossiers d'avancement.

Appréciation sur le projet

Développement du projet international : plusieurs équipes sont déjà impliquées dans cette dimension effective de collaboration (Brésil, USA, Canada, Japon, Australie, Liban) avec des publications communes avec les laboratoires de ces pays. L'unité entend cependant bien la remarque et envisage de lancer une réflexion inter-équipes afin d'organiser sur Montpellier au cours du quadriennal un colloque international sur la génomique des insectes ou les interactions hôtes-pathogènes.

Nouveau mode de fonctionnement interne : cf. plus haut paragraphe « Recommandations au DU ». En ce qui concerne la communication interne, l'unité est consciente de cette nécessité et anticipe cette recommandation en développant actuellement un site intranet d'unité, et en installant en accès libre le logiciel Silverpeas sur lequel seront partagés des informations, documents d'intérêt général, fiches de protocoles, annonces de congrès et séminaires.

Lien avec le personnel affecté aux élevages : d'ores et déjà, deux d'entre eux ont une activité partielle dans les laboratoires, et la proposition de s'investir également dans des expériences vient d'être accueillie favorablement par la technicienne responsable de l'insectarium. La suggestion de stages de formation aux élevages d'insectes pourra se mettre en place pour des personnels arrivant dans l'unité pour de longues périodes, afin de ne pas surcharger le personnel de l'insectarium.

II - Concernant l'analyse équipe par équipe

Equipe 1 - E. d'Alençon - Epigénétique, holocentrisme et adaptation de l'insecte.

Appréciation sur le rayonnement

L'équipe a bien noté la remarque sur le peu d'invitation à des conférences internationales. Le comité estime que c'est dû à la jeunesse de l'équipe, mais sans doute aussi au fait que le DR occupait aussi une fonction de DU qui le rendait moins disponible. Il est invité en novembre 2010 au Symposium International « New Silk Road : from silkworm genome to sustainable agriculture » au Japon. Cette reconnaissance devrait s'accroître avec la publication récente de génomique comparative.

Appréciation sur la stratégie

Les membres de l'équipe sont tout à fait conscients de la faible implication actuelle dans l'enseignement. Toutefois ils se sont mobilisés au cours du quadriennal précédent en participant au conseil de Département Biologie Santé de l'Université afin que le laboratoire soit reconnu comme laboratoire d'accueil pour le recrutement de maîtres de conférences (au cours du quadriennal le recrutement a eu lieu dans l'équipe de virologie). L'équipe a proposé un candidat et un projet de génomique sur un poste de maître de conférence à l'IUT, mais le profil enseignement orienté très biochimie n'a pas permis l'affectation dans l'équipe.

En vue du prochain quadriennal, les membres de l'équipe ont déjà rencontré les enseignants du PFR Environnement-Vie-Agroalimentaire-Planète à l'automne 2009 afin d'envisager la possibilité de développer des enseignements en épigénétique dans le cadre de plusieurs filières du master Biologie-Géosciences-Agroressources-Environnement et ont proposé en accord avec eux, un profil d'enseignant-chercheur. Les membres de l'équipe continueront à s'investir sur ce projet au cours du quadriennal.

Une autre alternative pourra être explorée si l'équipe est renforcée par le recrutement d'un CR2, auquel cas une certaine disponibilité pourrait se dégager pour une participation de l'équipe à des enseignements en M2.

Appréciation sur le projet

L'équipe reconnaît que la relation entre la régulation épigénétique et l'adaptation à la plante hôte favoriserait le positionnement au sein du réseau des autres laboratoires partenaires et dans l'unité au sein de la thématique fédératrice « interaction ». Toutefois la régulation épigénétique du développement de l'insecte pourra également permettre des ponts avec les équipes qui analysent les interactions entre insecte et pathogènes/parasitoïdes, qui impliquent des effets négatifs sur le développement. L'équipe reconnaît que les deux aspects du sujet ne pourront sans doute être abordés simultanément, mais (i) pense que le renforcement de l'équipe ouvrira des perspectives nouvelles, et (ii) reste attentive à des occasions de bâtir des projets collaboratifs sur un ou l'autre des aspects.

Points à améliorer

Le développement du RNAi ne repose pas uniquement sur cette équipe mais fait l'objet d'un effort concerté avec deux autres équipes de l'unité.

Recommandations

Publications : un article vient d'être accepté, la rédaction d'un second vient de se terminer, il va être soumis dans le mois qui vient

Conférences internationales : cf. plus haut, paragraphe "rayonnement".

Animation scientifique : en prévision de l'affiliation prochaine de l'unité à l'école doctorale SIBAGHE, l'équipe a proposé un sujet de thèse visant à analyser le polymorphisme de variants de *Spodoptera* adaptés à différentes plantes hôtes et à bâtir une carte physique du génome. Le département SPE de l'INRA a positionné une demie bourse et l'UM2 est sollicitée pour le complément. La supervision de ce travail de thèse confortera le dossier d'HDR de la responsable de l'équipe.

Stratégie scientifique : l'équipe a bien noté la crainte de dispersion thématique. Toutefois, nous n'envisageons pas de mettre au centre de nos activités l'étude des protéines du kinétochore, et nous restreindrons cette étude à la rédaction d'une revue suite à des recherches *in silico* chez les insectes holocentriques afin de valoriser nos données de séquences (transcriptome). Nous envisageons de mettre au cœur de nos priorités l'étude de l'adaptation épigénétique de l'insecte à sa plante hôte, l'aspect épigénétique du développement ne constituant qu'un volet de cette étude, sachant que *Spodoptera frugiperda* est un ravageur des cultures au stade larvaire et non adulte. C'est sur cet axe novateur de l'adaptation épigénétique de l'insecte à la plante, axe qui nous met à l'interface avec d'autres équipes étudiant les aspects populationnels de l'interaction plante-insecte, que nous espérons positionner un nouveau chercheur.

Equipe 2 - A. Givaudan - Génomique fonctionnelle et facteurs de virulence

Merci aux membres de l'AERES pour le rapport assez élogieux sur l'activité de l'équipe GFV.

Néanmoins, nous voulions réagir aux recommandations qui nous encouragent à abandonner progressivement l'étude de *Photorhabdus asymbiotica*, un pathogène émergent chez l'homme. Nous pensons tout d'abord que l'étude de la prévalence de ces isolats humains en France est notre devoir de scientifiques puisque nous sommes le seul centre de référence capable de les identifier en France (pour l'instant les systèmes commerciaux d'identification en sont incapables) et donc de motiver cette étude. Quant aux moyens dégagés si ce projet était abandonné, ils seraient quasi nuls car il n'est pas plus long de travailler sur 2 toxines homologues chez *P. luminescens* et *P. asymbiotica* que sur une seule (Cf. par exemple notre dernier papier dans PLOS). Par contre l'étude des mécanismes moléculaires et cellulaires impliqués dans les interactions micro-organismes hôtes étant plus valorisable en santé humaine qu'en santé des plantes, ce projet nous permet d'élargir l'assiette de nos réponses aux appels d'offres.

Equipe 3 - P. Tailliez - Ressources biologiques et génétiques des bactéries et nématodes entomopathogènes

L'équipe remercie les membres du Comité pour leurs appréciations et leurs recommandations.

Concernant son rayonnement à l'international, l'équipe est bien consciente de sa faiblesse en termes d'invitation à des conférences internationales. La taxinomie bactérienne est une science assez marginale dans les congrès de la *Society for Invertebrate Pathology* (SIP) et de l'*International Organization for Biological Control* (IOBC).

Par ailleurs, N. Boemare était en contact avec un réseau international constitué à travers sa participation au réseau COST850 et à sa collaboration avec R. Akhurst en Australie. Lors de l'arrivée de P. Tailliez au laboratoire EMIP en septembre 2004, les travaux du réseau COST850 se terminaient. P. Tailliez a participé avec N. Boemare à la dernière réunion de ce réseau et a été présenté à cette communauté scientifique dont les travaux portent surtout sur l'utilisation des nématodes en lutte biologique. D'autre part et historiquement, les groupes de nématologistes qui caractérisent ces entomopathogènes ne sont pas bactériologistes et n'ont pas besoin de la caractérisation du symbiote pour publier de leur côté. Enfin, les nématologistes que connaissait N. Boemare, ont aussi pour la plupart pris leur retraite ou ont changé d'activité.

Un nouveau réseau de relations est donc en cours de construction notamment avec la Chine (P. Tailliez est invité à l'Université de Guangzhou chez le Pr L. Qiu -nématologiste - en mai 2010), le Brésil et quelques pays du pourtour méditerranéen. P. Tailliez a aussi commencé à publier dans ce domaine en 2006. Il lui fallait un peu de temps pour se faire connaître de cette communauté internationale car il officiait auparavant dans le domaine de la taxinomie des bactéries lactiques.

L'un des défis du prochain quadriennal sera effectivement pour cette équipe de chercher à concrétiser ses collaborations internationales et à conforter celle initiée avec le Liban.

Concernant le projet de l'équipe, il est évident pour son animateur que le programme ambitieux et très porteur de "Génomique comparative" est sous doté en ressources humaines malgré la contribution forte de JC Ogier, IE dans l'équipe. Un projet fléché SPE-INRA et un projet

ANR viennent d'être déposés avec l'équipe Givaudan sur ce sujet pour augmenter les ressources à mobiliser sur ce thème.

Concernant le projet sur les populations de nématodes, une première étape sera réalisée à l'aide d'un technicien ayant la formation adaptée et qui sera recruté par concours en septembre-octobre 2010. Des personnels du CBGP ont été mobilisés pour constituer le jury de concours. Des collaborations seront recherchées à la fois avec le CBGP, les collègues de l'INRA Sophia (lutte biologique) et des modélisateurs des populations (à Sophia ou/et à SupAgro Montpellier). Si tout se passe bien, il est prévu par la suite de demander un poste d'ingénieur pour développer ce sujet suite aux recommandations du département SPE-INRA.

Equipe 4 - B. Duvic - Proteomique de l'interaction *Spodoptera frugiperda* - microorganismes

Notre objectif scientifique est de comprendre les mécanismes de réponse de l'hôte lépidoptère face à l'invasion par un pathogène. Notre question scientifique s'intègre dans la thématique générale de l'Unité puisqu'elle vise à identifier des cibles chez le lépidoptère des facteurs de virulence émis par un pathogène, et ce par une approche globale.

Dans un premier temps, de par notre taille réduite (l'équipe est actuellement constituée d'un chercheur, de 2 enseignants chercheurs [0.75 ETP] et d'un technicien), notre expertise (biochimie et immunité des insectes) et notre historique (interaction hôtes-microorganismes), nous avons choisi de nous focaliser sur la réponse de l'hôte *Spodoptera frugiperda* face à l'invasion de l'hémocoèle par les bactéries entomopathogènes du genre *Photorhabdus*. Ces bactéries étant étudiées du point de vue virulence dans l'équipe E2 (A. Givaudan), notre travail se fera en étroite collaboration avec cette équipe et nous prévoyons des discussions scientifiques régulières afin d'assurer une cohérence scientifique des questions posées.

Lors du prochain quadriennal et comme indiqué page 33 du document fourni à l'AERES, nous envisageons donc une analyse comparative des protéomes de chenilles infectées par différentes bactéries du genre *Photorhabdus*, la variabilité du protéome hémolympatique de chenilles saines ayant évidemment déjà été prise en compte. De plus, des souches virulentes et avirulentes obtenues par l'équipe E2, dans ce genre seront bien sûr analysées en parallèle. L'utilisation de *P. asymbiotica* se justifie car cette souche est un pathogène humain émergent et il sera donc intéressant d'analyser l'impact des facteurs de virulence d'un entomopathogène strict et de le comparer à celui d'un pathogène à la fois d'insecte et de l'homme, sous entendu que les facteurs et les mécanismes de l'interaction pourraient être différents.

Ce choix de développer une approche protéomique de l'interaction lépidoptère-bactéries entomopathogènes repose sur plusieurs constats :

- l'originalité de cette approche protéomique au niveau de l'unité et de sa stratégie scientifique par rapport à l'approche transcriptomique, de laquelle elle est complémentaire et qui est déjà développée par les équipes E5 et E6 de l'unité ;
- sa faisabilité technique dans le contexte local : des outils génomiques sont développés dans l'équipe E1 et des plateformes protéomiques existent sur le site de Montpellier ;
- des résultats préliminaires obtenus en 2009-2010, et exposés lors de notre présentation aux membres de l'AERES, démontrent la pertinence de cette approche pour identifier des cibles des facteurs de virulence de *Photorhabdus*. En effet, nous avons d'ores et déjà pu montrer que des protéines impliquées dans l'immunité, et en particulier dans la reconnaissance des lipopolysaccharides bactériens (ML protein, apolipoporphine III, fatty acid binding protein, odorant binding protein) disparaissent après infection avec la souche sauvage de *P. luminescens*. A notre connaissance, l'observation et l'identification de protéines qui disparaissent au cours de l'infection avec *Photorhabdus* n'ont jamais été signalées.

Ce quadriennal nous permettra de valider cette approche pour identifier des cibles impliquées dans la réponse de l'hôte lépidoptère et de mieux appréhender les mécanismes de défense immunitaire mis en place chez ces insectes ravageurs.

Dans un deuxième temps (quadriennal suivant), nous prévoyons d'étendre cette analyse soit sur le même modèle lépidoptère-bactérie en incluant des approches transcriptomiques (non développées par l'équipe E2) soit à d'autres modèles développés dans l'unité qui n'abordent que l'approche transcriptomique et pourraient bénéficier d'une approche protéomique.

Equipe 5 - M. Ogliastro - Dynamique des interactions Denguevirus - insectes

Appréciation sur le projet

Comme souligné par le comité, nous sommes conscients de la petite taille de l'équipe face à l'ambition du projet. Toutefois, les 4 volets décrits par le comité s'inscrivent dans 2 projets i) Mécanismes moléculaires de l'infection et ii) Déterminisme du spectre d'hôte et évolution virale, dans lesquels interagissent tous les membres de l'équipe.

L'étude des mécanismes d'évolution virale est réalisée en collaboration avec un spécialiste de cette thématique (R. Froissart, CNRS, BGPI-Montpellier). Il s'agit d'un volet innovant et prospectif, il implique un chercheur (M. Ogliastro) et une Assistante Ingénieur (D.Mutuel) de l'équipe.

Le projet traitant du déterminisme du spectre d'hôte et de l'évolution virale intéresse particulièrement l'industriel qui nous finance en vue d'une homologation du virus comme biopesticide.

Appréciation sur la stratégie

1 - L'équipe souhaite souligner l'évolution thématique forte amorcée au cours du quadriennal écoulé, consacrant son projet aux mécanismes des interactions hôte-pathogène.

Les 2 articles publiés dans des revues de référence (J. Virology et Virology) nous ont déjà permis une reconnaissance internationale comme l'attestent les sollicitations de journaux (4) pour des rapports d'articles dans le domaine. Nous souhaitons poursuivre et amplifier cette dynamique.

2 - Nous sommes d'accord avec la priorisation suggérée par le comité.

3 - M. Ogliastro s'engage à passer son HDR fin 2010-début 2011.

Equipe 6 - A.-N. Volkoff - Biologie intégrative des interactions hôte – parasitoïde

L'équipe a pris note des recommandations qui lui sont faites et des avis positifs portés par le Comité sur son activité antérieure et sur son projet.

En réponse aux interrogations du Comité quant **aux points à améliorer et risques** ("un nombre de projet qui pourrait conduire à une dispersion retardant la valorisation des résultats en terme de publication ; le comité encourage l'équipe à hiérarchiser ses projets."), nous tenons à clarifier ci-dessous nos priorités et la répartition envisagée des responsabilités scientifiques.

Notre thématique s'organise autour de trois problématiques : (1) l'étude physiologique et moléculaire visant à caractériser les cibles des facteurs de virulence ; (2) l'analyse de la forme intégrée et de la nature des Ichnovirus et (3) les facteurs impliqués dans l'établissement du spectre d'hôte d'un parasitoïde.

Les 2 premiers axes correspondent à la continuité de nos travaux antérieurs et se répartissent entre les 3 chercheurs constituant l'équipe. Le 1^{er} axe sera sous la responsabilité de I. Darboux (CR1 INRA) et de J.M. Escoubas (CR1 CNRS) pour l'étude, respectivement, des cibles du polydnavirus et de celles des autres facteurs de virulence. Au cours du prochain quadriennal, nous nous focaliserons sur 2 types de facteurs de virulence, les protéines virales de la famille des ankyrines et les protéines du venin. Le 2^{ème} axe sera sous la responsabilité de A.N. Volkoff (DR2 INRA).

Le 3^{ème} axe est de nature plus prospective et sera sous la responsabilité de la responsable d'équipe A.N. Volkoff. L'enjeu lors de ce quadriennal sera d'abord d'établir, grâce à l'acquisition de résultats préliminaires, des bases de réflexion concernant cette problématique et de mettre en place un réseau de collaborations aussi bien au niveau académique qu'au niveau de la profession agricole (accès aux populations de parasitoïdes). Si cet axe s'avère source de résultats intéressants, nous chercherons à le renforcer au cours du quadriennal (demande de recrutement, de financements).

La répartition des tâches envisagées au sein de l'équipe afin d'assurer l'obtention de résultats valorisables sous forme de publications pour l'ensemble des membres de l'équipe est présentée ci-dessous. Soulignons qu'au cours du prochain quadriennal, l'équipe bénéficiera de la présence de 3 post-doctorants, qui renforceront 3 axes stratégiques différents.

1) Etude physiologique et moléculaire visant à caractériser les cibles des facteurs de virulence

1.1) Approche gène candidat :

- Etude des protéines produites par le polydnavirus (cas des ankyrines virales)
- Responsables du projet : I. Darboux; G. Clavijo, **post-doc** UM2 (1 bourse d'1 an (2010-2011) vient d'être accordée par SPE-INRA)
- Etude des autres facteurs de virulence (cas des protéines du venin)
- Responsables du projet : J.M. Escoubas; A.N. Volkoff; T. Dorémus, **doctorant** UM2-INRA (2009-2012)

1.2) Approche globale : Analyse transcriptomique du parasitisme

- Responsable du projet : J.M. Escoubas

Une demande de financement, incluant un post-doc, a été demandée à l'UM2 pour aborder l'étude des petits ARNs; ce projet ne sera réalisé que dans le cas où le financement est accordé.

2) Analyse de la forme intégrée et nature des Ichnovirus

- Responsables du projet : A.N. Volkoff; **post-doc** (ANR Paratoxose)

3) Facteurs impliqués dans l'établissement du spectre d'hôte d'un parasitoïde

3.1) Comparaison des facteurs de virulence de 2 souches de *Macrocentrus cingulum*

- Responsables du projet : A.N. Volkoff; I. Darboux; **post-doc** (ANR Biocosmac)

3.2) Analyse de l'expression des facteurs de virulence de *Hyposoter didymator* en fonction de l'espèce d'hôte

- Responsables du projet : A.N. Volkoff; T. Dorémus, **doctorant** UM2-INRA; F.L. Cônsoli, ESALQ, Brésil

3.3) Facteurs de virulence, traits d'histoire de vie et variabilité génétique de *Hyposoter didymator*

- Responsable du projet : A.N. Volkoff
- Projet prospectif, en collaboration

Trois points de **recommandation** ont été soulevés par le Comité, auxquels nous répondons ci-dessous :

- "*Mise au point de tests fonctionnels en particulier via l'extinction de gènes par RNAi*". Un groupe de travail autour de ce verrou technologique - pour l'ensemble de l'Unité - a été créé en 2009 suite au recrutement d'une IE INRA (M. Eychenne) et dont font partie deux des chercheurs de l'équipe, J.M. Escoubas (animateur du groupe) et I. Darboux. Différents outils de génomique fonctionnelle (RNAi *in vivo* et *in vitro*) devraient donc être développés et commencer à être utilisés durant le prochain quadriennal.

- "*Etudes de populations à faire dans le cadre de collaborations*". Ces études sont effectivement prévues dans le cadre de collaborations avec des laboratoires spécialisés, en particulier le CBGP. Un premier projet en cours (ANR Systerra Biocosmac) s'effectue en collaboration avec le CBGP, l'Université de Toulouse, le CNRS, le Muséum et une boîte privée spécialisée en lutte biologique. En 2009, une demande de financement conjointe (AN Volkoff, BIVI - D Bourguet, CBGP) a été faite auprès du Département SPE - INRA (projet visant à analyser la variabilité génétique des populations naturelles de *Hyposoter didymator* et à vérifier si cette variabilité est en lien avec le polydnavirus ou autres facteurs de virulence). Cette demande n'a pas été retenue, mais les rapports étant encourageants, nous prévoyons de la re-soumettre en 2010.

- "*Participation à des conférences à rayonnement plus large*". Nous participons depuis une dizaine d'années à la majorité des conférences internationales réunissant la communauté s'intéressant au modèle polydnavirus (une quinzaine de laboratoires dans le monde), ce qui nous a permis de bien nous positionner dans cette communauté scientifique. Pendant ce quadriennal, nous poursuivrons cette dynamique qui devrait être facilitée par l'agrandissement de l'équipe (meilleure répartition des congrès entre les membres de l'équipe). La responsable d'équipe pourra ainsi en parallèle renforcer ses activités relatives à la visibilité au niveau national et international de l'équipe.