

Projets financés en 2008 (Résumés)

N°	Titre long
0800-001 Achevé	Comparaison des génomes de trois Arecaceae d'importance, co-évolution du sorgho et du striga et étude de l'association chez le sorgho
0801-005	Une plate-forme internationale de génomique fonctionnelle utilisant le riz comme espèce modèle : la plate-forme de génomique fonctionnelle du riz (REFUGE)
0801-006	Plateforme scientifique structurante sur la caractérisation des lipides d'origine végétale et des polymères hydrophobes non traités et biotransformés pour une chimie verte et durable (PlantLipPol-Green)
0802-005 Achevé	La réponse des accessions naturelles d' <i>Arabidopsis</i> au stress salin – Une initiative franco-chinoise
0802-006 Achevé	Préparation d'un projet de réseau international sur la pyriculariose du riz
0802-010	Collecte de ressources génétiques des cacaoyers sauvages liées aux quantités de chocolat aromatique en Amazonie équatorienne
0802-012 Achevé	Analyse de l'expression des gènes de <i>Xanthomonas albilineans</i> lors de l'échaudure des feuilles chez la canne à sucre
0802-019 Achevé	AGRO2010 MONTPELLIER – Semaine scientifique autour de l'agronomie
0802-020 Achevé	Intégration des ressources protéomiques pour le phénotypage moléculaire de la croissance des plantes en réponse aux changements environnementaux et climatiques
0802-021	Impact de l'évolution des contraintes environnementales et anthropogéniques sur la diversité de cultures à multiplication asexuée : vers une proposition de recherche internationale sur l'agrobiodiversité de l'igname
0802-022 Achevé	Réponses adaptatives de la symbiose fixatrice d'azote <i>Medicago truncatula</i> - rhizobia à la limitation de l'acquisition d'azote
0802-023 Achevé	Développement d'un système à haut débit pour l'analyse fonctionnelle de protéines effectrices de virulence de <i>Magnaporthe grisea</i>
0802-027 Achevé	Organisation d'un atelier intitulé « Banques de germoplasme de cultures vivrières référencées en vue d'une collaboration internationale »
0802-029	<i>Utilisation de nouvelles technologies pour promouvoir la visibilité internationale des collections de l'INRA et l'ENTAV¹</i>
0802-030	Confronter différentes théories et cadres d'analyse des systèmes socio-écologiques au moyen de connaissances et de données empiriques
0803-007	Vers une recherche fédérative sur les plateformes de modélisation et de simulation
0803-008	Séminaire d'Agropolis sur les plantes numériques
0803-012	Modélisation et optimisation de la bioconversion de matière première végétale en milieu non homogène

¹ Le projet 0802-029 a été intégré au projet Étendard PI@ntNet (0803-019)

0803-013 Achevé	Développer un cadre statistique d'analyse des interactions génotype-environnement dans des études d'association
0803-017	OpenAlea : plateforme logicielle ouverte pour la modélisation des plantes à différentes échelles
0803-019	<i>Pl@ntNet¹</i>
0803-021 Achevé	Modélisation intégrative pour la compréhension et la gestion à l'échelle du paysage des écosystèmes soumis à l'influence humaine
0803-022	Modélisation de la signalisation électrique chez les plantes en relation avec la polarisation du développement et de la morphogénèse, et avec la réponse adaptative aux stress (ELEXIGNAL)
0803-024 Achevé	Développement d'une boîte à outils pour la modélisation et la simulation de rétroactions entre la croissance et la biomécanique végétales
0803-027	Fruit virtuel en 3D : application au contrôle de la croissance et de la qualité des fruits

Mots clés:

BIP-1: Génétique et génomique, amélioration des plantes, écophysiologie

BIP-2: Maladies et ravageurs des plantes, protection intégrée des cultures, écologie des populations

DSTI-1: Innovations agro-environnementales, agro-écosystèmes, gestion des ressources

DSTI-2: Innovations agro-alimentaires, valorisation alimentaire et non alimentaire des productions végétales

DSTI-3: Processus d'innovation, gestion sociale de l'innovation

Année du SP : 2008

Projet N° 0800-001 Achevé

Titre : Comparaison des génomes de trois Arécaceae d'importance, coévolution du sorgho et du striga et étude de l'association chez le sorgho

Unité responsable du projet : AGAP (Amélioration génétique et adaptation des Plantes) (CIRAD, INRA, SupAgro)

Porteur de projet : Angélique D'Hont (angelique.dhont(a)cirad.fr)

Pays associés au projet : USA

Unités de recherche du réseau scientifique d'Agropolis Fondation associés : DIADE, LGDP

Sous-axes thématiques : BIP-1 : Génétique et génomique, amélioration des plantes, écophysologie

Objectifs, actions menées et résultats obtenus :

1 - Comparaison des génomes de trois Arécaceae: le palmier à huile (*Elaeis guineensis*), le palmier dattier (*Phoenix dactylifera*) et le cocotier (*Cocos nucifera*)

L'objectif du projet est de comparer cinq régions génomiques orthologues chez 3 espèces d'arécacées: le palmier à huile (*Elaeis guineensis*), le palmier dattier (*Phoenix dactylifera*) et le cocotier (*Cocos nucifera*) et également de les comparer avec le riz. Pour cela le Cirad dispose d'une banque de clones BACs pour le palmier à huile et une pour le cocotier et l'équipe de J. Bennetzen possède une banque de fosmidés de Palmier dattier. Le séquençage des clones avait été obtenu sur un appel d'offre Génoscope.

Pour sélectionner les clones BACs, nous avons hybridé les filtres haute-densité contenant les clones BACs de chacune des banques avec des sondes correspondant à différents gènes:

- Le gène ADH (alcool déshydrogénase), ce locus a déjà été largement étudié dans d'autres études comparatives chez les poacées (Ilic et al, 2003 ; Jannoo et al, 2007). Une sonde a été dérivée de la séquence ADH de canne à sucre et des amorces spécifiques ADH1 et ADH2 ont été définies à partir de l'alignement multiple de différentes séquences d'ADH (Brian et al, 1996).

- Les gènes EgDEF1 (MADS-box sous-famille deficiens) et EgGLO2 (MADS-box sous-famille Globosa) ont été sélectionnés car ils ont un intérêt particulier chez le palmier à huile. En effet, ces gènes interviennent dans les mécanismes de variation somaclonale "mantled", qui se traduit par une conversion des pièces florales mâles en pièces femelles ayant un impact sur la production en huile de palme (Adams et al 2007). Des sondes spécifiques ont été dérivées à partir de la séquence des cDNA des gènes EgDEF1 et EgGLO2.

- Les autres régions ont été sélectionnées à partir de l'assemblage partiel (scaffolds) de la séquence du palmier dattier disponible sur le web à l'adresse suivante : <http://qatar-weill.cornell.edu/research/datepalmGenome/download.html>. L'ensemble des scaffolds de palmier dattier ont été annotés automatiquement avec Fgenesh et Eugene. L'annotation automatique a permis d'identifier les scaffolds riches en gènes versus riches en éléments répétés. Deux scaffolds correspondant aux locus PEPC et FBP (phosphoenolpyruvate carboxylase et Fructose-bi-phosphate) ont été sélectionnés car ils correspondent à 2 régions riches en gènes. Des sondes ont été dérivées à partir de la séquence des différents gènes présents sur ces 2 scaffolds et des amorces PCR ont été définies pour les étapes de validation des clones BACs.

L'hybridation de la sonde ADH a permis de révéler 18 BACs palmier à huile et 13 Bacs cocotier. La comparaison des profils finger-print et l'analyse PCR des BACs a permis de distinguer les clones appartenant aux locus ADH1 et ADH2. Les BACs Eg033E10 (ADH1) et Eg060113 (ADH2) de palmier

à huile ont été sélectionnés pour séquençage. L'analyse PCR des BACs cocotier a permis de démontrer que le BAC Cn090M15 contient les deux gènes ADH1 et ADH2. Ce BAC a été sélectionné pour séquençage.

L'hybridation de la sonde correspondant au gène EgDEF1 a permis d'identifier 4 BACs palmier à huile et la sonde EgGLO2 a permis de révéler 2 BACs palmiers à huile. Aucune des 2 sondes n'a révélé de BAC cocotier. Les gènes EgDEF1 et EgGLO2 appartenant à la famille multigénique des MADS-box, les sondes ayant servi au criblage ont été définies de manière très spécifique. Il est fort probable que cette spécificité explique l'absence d'hybridation de clones cocotier. Les BAC Eg133H20 (EgDEF1) et Eg033E06 (EgGLO2) de palmier à huile ont été sélectionnés pour séquençage.

L'hybridation des sondes correspondantes aux différents gènes présents au locus PEPC a permis d'identifier 4 BACs palmier à huile et 5 BACs cocotier. L'analyse PCR et la comparaison des profils finger print des BACs ont permis de sélectionner les BACs Eg132P05 de palmier à huile et Cn227M10 de cocotier pour séquençage.

L'hybridation des sondes correspondantes à la région FBP a permis de révéler 5 BACs palmier à huile et 3 BACs cocotier. L'analyse des BACs a permis de sélectionner les BACs Eg172L05 de palmier à huile et Cn142B10 de cocotier.

Le criblage de la banque de fosmidés palmier dattier a été réalisé à l'université de Georgia (USA) par l'équipe de J. Bennetzen. Huit fosmidés ont été sélectionnés pour séquençage. Pd007D03_D6 et Pd009A12 pour le locus ADH ; Pd005B81_4D2 et Pd005B81_5H2 pour le locus EgGLO2 ; Pd009B12_D2 et Pd009H8_H8 pour le locus FBP ; Pd003C11_1C9 et Pd006A61_G9 pour le locus PEPC.

Nous avons rencontré d'importants problèmes de délais dans le séquençage des BACs par le Génoscope, ce qui a considérablement retardé l'avancée du projet. D'autre part, des problèmes de cross-contamination rencontrés au laboratoire de J. Bennetzen pour 4 fosmidés palmier dattier (Pd007D03_D6, Pd005B81_4D2, Pd005B81_5H2 et Pd003C11_1C9) ont pu être mis en évidence lors du séquençage. La séquence de ces 4 fosmidés c'est avérée être identique.

Au total 6 BACs palmier à huile, 3 BACs cocotier et 8 fosmidés palmier dattier ont finalement été séquencés.

2. co-évolution du sorgho and du striga

J. Bennetzen était intéressé par démarrer un projet pour étudier la coévolution sorgho/millet/striga. Le striga est une plante parasite très préjudiciable en Afrique. Nous lui avons donné nos contacts au Mali pour sa mission de collecte de matériel.

3. Analyse d'association chez le sorgho/millet

K. Devos était intéressée par analyser les gènes impliqués dans la variation de taille chez le sorgho ou le millet par étude d'associations.

Elle était intéressée par l'utilisation des panels de variétés établis pour ce type d'analyse par le Cirad sur le sorgho et par l'IRD sur le millet. Finalement elle a choisi de travailler sur le panel du millet auquel elle a rajouté des variétés des USA. Trois gènes potentiellement impliqués dans la hauteur avaient été préalablement identifiés dans son laboratoire. En premier lieu il s'agissait d'isoler les orthologues chez le millet. Par comparaison entre différentes Graminées des primers ont été définis dans les parties conservées des gènes candidats. Ensuite les amplifications ont été réalisées sur les variétés du panel puis clonées et séquencées. Malheureusement, les produits clonés se sont pour la plupart avérés être des rétro-éléments et donc les résultats d'amplifications non spécifiques.

4. Caractérisation de point de translocations chez le blé

K. Devos a travaillé sur les Triticées depuis de nombreuses années et récemment s'est intéressée aux translocations. Son objectif était d'utiliser notre expertise en cytogénétique pour se former aux nouvelles techniques de cytogénétique moléculaire et de les utiliser pour l'analyse des translocations chez le blé.

L'objectif de l'étude était de déterminer la taille physique d'une région comprenant la translocation 4L/5L chez le blé. Ceci constituait un challenge très important vu la taille des sondes dont elle disposait. En comparant avec le riz, quatre marqueurs (deux pour le groupe quatre et deux pour le groupe cinq) entourant le point de translocation avaient été identifiés. Un contig partiel de la région avait indiqué que la région recouvrait probablement quelques centaines de kilobase et était constituée surtout d'éléments répétés.

Pour déterminer la taille physique de la région, l'hybridation in situ a été réalisée avec des marqueurs flanquant le point de recombinaison sur les deux chromosomes 4 et 5. La visualisation des signaux en hybridation in situ nécessite des longueurs de sonde de minimum 2 à 3 kb. Les sondes disponibles étaient de moins de 500 pb. Pour générer des sondes supplémentaires pour les quatre loci, les amorces ont été construits en utilisant les gènes du riz comme modèle. Les fragments amplifiés ont été clonés et séquencés pour confirmer leur identité. Cela a porté la longueur totale de la sonde disponible à 2 à 3,8 kb pour chacun des quatre loci. Une série de procédures d'étiquetage et d'hybridation ont été testés afin d'améliorer la sensibilité avec laquelle les signaux d'hybridation peuvent être détectés. Mais la conclusion était que la longueur de sonde doit encore être augmentée pour être en mesure d'obtenir une hybridation réussie et une détection de deux loci qui encadrent un point d'arrêt.

Perspectives:

1 Comparaison des génomes de trois *Arécaceae* : l'annotation de l'ensemble des séquences palmier à huile, cocotier et palmier dattier est en cours, les comparaisons seront ensuite réalisées entre les trois espèces et avec le riz.

L'ensemble des résultats sera publié en associant les deux équipes de recherche.

Financement total par Agropolis Fondation : € 93,706 (Bench fees, Sequencing, 2 CDD)

Catégorie(s) de soutien : Accueillir un scientifique senior pour un séjour de courte durée (moins de 12 mois)

Durée du projet : 01 mai 2008 - 31 juillet 2010

Mots clés : Etude d'association, *Arécaceae*, coévolution, sorgho, striga

Année de l'AAP : 2008

Projet N° 0801-005

Titre : Une plate-forme internationale de génomique fonctionnelle utilisant le riz comme espèce modèle : la plate-forme de génomique fonctionnelle du riz (REFUGE)

Unité responsable du projet : AGAP (Amélioration génétique et adaptation des Plantes) (CIRAD, INRA, SupAgro), LGDP (Génome et Développement des Plantes) (CNRS, UPVD)

Porteur de projet : Emmanuel Guiderdoni (guiderdoni(a)cirad.fr)

Pays associés au projet : Italie, Vietnam, Brésil, Espagne, Royaume Uni, Allemagne, Australie, Tunisie

Unités de recherche du réseau scientifique d'Agropolis Fondation associés : BPMP

Sous-axes thématiques : BIP-1 : Génétique et génomique, amélioration des plantes, écophysiologie, BIP-2 : Maladies et ravageurs des plantes, protection intégrée des cultures, écologie des populations

Objectifs :

Le riz est une culture très importante sur les plans agricole, social et culturel, mais c'est aussi une espèce céréalière modèle pour étudier l'organisation génomique et la génomique fonctionnelle. Cinq ans après l'obtention d'une séquence de grande qualité de son génome, et suite au développement de nombreuses ressources biologiques, moléculaires et bioinformatiques internationales, le riz reste un système modèle, et ce malgré le séquençage du sorgho, de *Brachypodium* et du maïs.

Un grand nombre de laboratoires du Sud investissent dans les techniques de biologie moléculaire et mènent des travaux exemplaires, parfois en exploitant des ressources génétiques uniques. Ils ont néanmoins besoin d'installations, d'équipements et de consommables qui leur permettent de compléter leurs expériences, de préparer des publications de premier plan et d'accéder ainsi plus facilement à des fonds nationaux et internationaux pour la recherche.

L'objectif de ce projet consiste à établir une plate-forme de génomique fonctionnelle du riz (*Rice Functional Genomics platform* – REFUGE) qui soit largement ouverte à la communauté scientifique. Cette plate-forme proposera des formations et un soutien pour générer et caractériser des plants transgéniques, ainsi que pour caractériser des ressources biologiques existantes (lignes d'insertion par exemple) et ainsi faciliter et améliorer l'analyse fonctionnelle des gènes identifiés soit chez le riz, soit chez d'autres céréales ou chez *Arabidopsis*.

Plus précisément, le projet REFUGE a pour objectifs spécifiques de :

- mettre à la disposition des visiteurs issus des communautés locales, nationales et internationales spécialisées dans les sciences du végétal différents outils pour mener sur le riz une analyse fonctionnelle des gènes importants sur le plan agronomique – identifiés chez le riz, chez d'autres céréales ou chez *Arabidopsis* – en exploitant les ressources biologiques, la bioinformatique et les outils moléculaires existants sur les espèces céréalières modèles et disponibles dans notre unité. Partager des infrastructures performantes, un savoir-faire et des connaissances uniques dans le secteur public en Europe pour produire et caractériser du riz transgénique et des lignes d'insertion, et encourager ainsi la recherche sur la génomique fonctionnelle.
- renforcer les capacités locales pour organiser une formation internationale sur la génomique fonctionnelle à destination des chercheurs africains.

Financement total par Agropolis Fondation : 328 640 € (salaire d'un ingénieur pendant 36 mois, acquisition de petit équipement, frais de fonctionnement)

Catégorie(s) de soutien : plateforme scientifique

Durée du projet : 1^{er} janvier 2009 – 31 Mars 2012

Mots clés : riz – génomique – biologie moléculaire – plateforme

Année de l'AAP : 2008

Projet N° 0801-006

Titre : Plateforme scientifique structurante sur la caractérisation des lipides d'origine végétale et des polymères hydrophobes non traités et biotransformés pour une chimie verte et durable (PlantLipPol-Green)

Unité responsable du projet : IATE (Ingénierie des Agropolymères et Technologies Emergentes) (CIRAD, INRA, Montpellier SupAgro, UMII)

Porteur de projet : Eric Dubreucq (Eric.Dubreucq(a)supagro.inra.fr)

Pays associés au projet : Brésil, Inde, Portugal, Thaïlande, Uruguay, USA

Unités de recherche du réseau scientifique d'Agropolis Fondation associés : SPO, BPMP, DIADE

Sous-axes thématiques : DSTI-2 : Innovations agro-alimentaires, valorisation alimentaire et non alimentaire des productions végétales

Objectifs :

La production verte et durable de produits chimiques et de matériaux repose sur le développement de technologies préservatrices de l'environnement pour la transformation des agro-ressources en biocarburants, biomatériaux et autres biomolécules.

Pour satisfaire aux exigences technologiques, industrielles et économiques liées aux transformations durables basées sur le bioraffinage, il est nécessaire de disposer d'une connaissance scientifique fiable de la composition et des propriétés des matériaux végétaux et des produits obtenus. Cette connaissance constitue le principal fondement de la définition de critères pour (i) la sélection et l'amélioration des végétaux utilisés comme bioressources, (ii) la sélection de micro-organismes et d'enzymes adaptés aux biotransformations, enfin, (iii) la conception et l'optimisation de procédés de transformation adaptés.

Ce projet concerne plus spécifiquement les lipides et les biopolymères hydrophobes (poly-isoprène, polyesters, protéines hydrophobes, lipides complexes, cires...), pour lesquels une large communauté scientifique a identifié le besoin de nouveaux outils d'analyse haut de gamme. Les fonds alloués sont utilisés pour l'acquisition, l'installation et l'exploitation de chaînes analytiques qui serviront de base aux projets de recherche collaboratifs de la plateforme scientifique.

La plateforme poursuit plusieurs objectifs :

- fournir un ensemble unique d'outils puissants et innovants pour (i) l'analyse de la structure et de l'architecture des lipides et des biopolymères hydrophobes d'origine végétale et de leurs dérivés (poly-isoprène, polyesters, lipides complexes, protéines hydrophobes...) en complément aux installations existant au sein des unités partenaires ; (ii) l'identification, l'étude, l'isolement et la modification de nouvelles molécules issues de la biodiversité des plantes méditerranéennes et tropicales ;
- contribuer au développement de l'interface entre les sciences végétales et la biotransformation des lipides et des polymères végétaux dans le cadre d'une chimie verte et durable.

Sous-axes thématiques : BIP-1 : Génétique et génomique, amélioration des plantes, écophysiologie, DSTI-2 : Innovations agro-alimentaires, valorisation alimentaire et non alimentaire des productions végétales

Financement total par Agropolis Fondation : 436 800 € (acquisition d'équipements de pointe, coûts de fonctionnement, contrats de maintenance, salaire pour un ingénieur pour 24 mois)

Catégorie(s) de soutien : plateforme scientifique

Durée du projet : 01 Février 2009 – 30 Avril 2013

Mots clés : lipides – plateforme – chimie durable – chimie verte – cultures méditerranéennes

Année de l'AAP : 2008

Projet N° 0802-005 Achevé

Titre : La réponse des accessions naturelles d' <i>Arabidopsis</i> au stress salin – Une initiative franco-chinoise
--

Unité responsable du projet : BPMP (Biochimie et Physiologie Moléculaire des Plantes) (INRA, CNRS, Montpellier SupAgro, UMII)

Porteur de projet : Christophe Maurel (maurel(a)supagro.inra.fr)

Pays associé au projet : Chine

Sous-axes thématiques : BIP-1 : Génétique et génomique, amélioration des plantes, écophysiologie

Objectifs :

Les contraintes environnementales (et le stress hydrique en particulier) limitent considérablement la production des cultures dans le monde. Ces contraintes ont notamment un effet néfaste sur l'état hydrique des plantes. Comprendre les mécanismes moléculaires impliqués dans la perception et la signalisation du stress hydrique et parvenir à un ajustement des relations plante-eau est un défi scientifique de la première importance.

Ce projet a pour objectif d'étudier une accession naturelle d'*Arabidopsis thaliana* connue depuis peu, qui représente un matériau unique pour identifier les régulateurs clés gouvernant la réponse des végétaux au stress hydrique. Dans cette accession, la conductivité hydraulique des racines présente une régulation atypique en réponse au stress salin. La génétique de ce trait et les réponses transcriptomiques de l'accession en question seront étudiées.

Ce projet sera mené conjointement par l'unité BPMP de Montpellier et par un groupe de scientifiques chinois de l'Institut des sciences biologiques de Shanghai. Ces deux groupes partagent un même intérêt pour l'étude des réponses d'*Arabidopsis* au stress. Deux scientifiques chinois se rendront à Montpellier : un scientifique confirmé pour une durée d'une semaine, et un post-doctorant pour neuf mois.

Actions menées et résultats obtenus :

PROGRAMME SCIENTIFIQUE: Des études précédentes sur 13 accessions naturelles d'*Arabidopsis* ont montré une variabilité significative des propriétés de transport d'eau (ou architecture hydraulique) des racines de ces plantes. Dans ce projet, nous avons caractérisé la réponse au stress salin des racines de 5 de ces accessions, par des approches couplées de biologie moléculaire et biophysique. Des mesures de conductivité hydraulique racinaire (L_{pr}), à l'aide d'une chambre à pression, ont révélé que toutes les accessions montrent une inhibition de ce paramètre en réponse au stress salin, sauf une (Y) qui montre une stimulation atypique. Afin d'affiner cette analyse, nous avons mesuré la conductivité hydraulique des cellules du cortex racinaire (L_{pcell}) à l'aide d'une sonde de pression cellulaire. Ces mesures se sont avérées très délicates en conditions de stress salin, car la pression de turgescence des cellules est fortement réduite. Quoi qu'il en soit, nous avons réussi à montrer que le stress salin induit une baisse du transport cellulaire d'eau dans trois des cinq accessions testées. L'accession Y, mais aussi une autre accession (Z), ne montrent aucune baisse. Ce test cellulaire nous permet donc de mettre en évidence un nouvel aspect de la variabilité naturelle de la réponse d'*Arabidopsis* au traitement salin. Nos analyses montrent toutefois que les niveaux cellulaires et de la racine entière ne sont pas vraiment équivalents pour diagnostiquer cette variabilité. Cette discordance pourrait être expliquée par des différences de subérisation de la racine, également observées entre accessions. Afin de rechercher un ou des marqueurs moléculaires de l'hydraulique des racines, en conditions normale ou de stress salin, nous avons caractérisé l'expression dans la racine de 17 gènes d'aquaporines, par RT-PCR quantitative. La régulation par le stress salin de ces gènes n'est pas différente entre les 5 accessions d'intérêt. Par

contre, une étude élargie à 13 accessions, cultivées en conditions normales, a permis d'identifier deux gènes d'aquaporines comme des marqueurs intéressants de la Lpr. Au final, l'ensemble de nos données physiologiques et moléculaires permet de révéler une grande diversité de stratégies hydrauliques racinaires, en conditions normales ou de stress salin. Les aquaporines mais aussi certaines différenciations anatomiques et morphologiques sont à la base de cette diversité d'adaptation fonctionnelle.

ACTIONS DE COOPERATION: Le scientifique junior (Dr Guowei LI) a été accueilli dans l'équipe à partir du 1er décembre 2008. Après les 9 mois consacrés au projet ci-dessous, son séjour a été prolongé dans le cadre d'un projet ANR de l'équipe. La scientifique senior (Dr Weining SUN) a séjourné en France du 24 au 31 mai 2009. A cette occasion, elle a présenté un séminaire et visité 5 laboratoires du site de Montpellier. Le responsable français (C. Maurel) a réalisé une visite du laboratoire de Shanghai, dans le cadre de sa participation au congrès InterDrought III (<http://www.interdrought.org/index.jsp>).

Articles :

Moira Sutka, Gwowe Li, Julie Boudet, Yann Boursiac, Patrick Doumas, Christophe Maurel (Mar 2011) Natural variation of root hydraulics in *Arabidopsis* grown in normal and salt-stressed conditions. *Plant Physiol.* 155(3):1264-1276.

Perspectives :

Ce travail a mené à une description très fine de l'hydraulique de la racine d'*Arabidopsis*. Surtout, elle a permis de révéler une variabilité naturelle de celle-ci, en conditions normales et de stress salin. Nous n'avons pas pu confirmer l'idée que l'accession Y serait un matériel unique pour étudier la réponse des plantes au stress salin, car seule la Lpr mais ni la Lpcell ni la régulation des aquaporines ne manifestent une régulation atypique. Par contre l'identification de marqueurs transcriptomiques, couplée à une augmentation du débit des mesures de Lpr, réalisée dans un autre projet, nous incitent à poursuivre une analyse par génétique quantitative des fonctions de transport d'eau dans la racine d'*Arabidopsis*. Ce travail a également permis de consolider une relation fructueuse avec notre partenaire chinois, et de recruter des collaborateurs de valeur pour d'autres programmes de l'équipe.

Financement total par Agropolis Fondation : 37 358 € (salaire pour un scientifique junior chinois pour 9 mois, frais de déplacement pour deux scientifiques entre la France et la Chine)

Catégorie(s) de soutien : chercheur invité, soutiens divers (soutiens à des projets exploratoires, risqués et innovants)

Durée du projet : 23 septembre 2008 – 22 septembre 2009

Mots clés : *Arabidopsis* – stress salin – stress hydrique – transcriptomique

Année de l'AAP : 2008

Projet N° 0802-006 Achevé

Titre : Préparation d'un projet de réseau international sur la pyriculariose du riz
--

Unité responsable du projet : BGPI (Biologie et Génétique des interactions plante/parasite pour la Protection Intégrée) (CIRAD, INRA, Montpellier SupAgro)

Porteur de projet : Didier Tharreau (tharreau(a)cirad.fr)

Pays associés au projet : Vietnam, Népal, Inde, Laos, Bhutan, Burma, Philippines

Sous-axes thématiques : BIP-1: Génétique et génomique, amélioration des plantes, écophysiologie

Objectifs :

La pyriculariose du riz, provoquée par le champignon *Magnaporthe oryzae*, est la principale maladie fongique du riz dans le monde. Ce phytopathogène a une reproduction asexuée dans toutes les zones rizicoles étudiées. Cependant, une reproduction sexuée est possible en conditions contrôlées et, d'après différents résultats génétiques et biologiques, elle pourrait intervenir dans certaines zones des contreforts de l'Himalaya. Cette région est un centre de diversité de ce pathogène et pourrait être son centre d'origine. Le riz a été domestiqué dans la même région. Il est démontré que les migrations intercontinentales ont façonné la structure des populations de pyriculariose et ont permis la dissémination de génotypes virulents spécifiques partout dans le monde. En cas de reproduction sexuée, même limitée en fréquence et répartition, suite à de longues migrations, une incidence sur la durabilité de la résistance du riz à la pyriculariose est possible. Aussi est-il important de déterminer si la reproduction sexuée intervient.

Les outils de génétique des populations permettent de détecter des traces de reproduction sexuée. Ces techniques seront appliquées à certaines populations de cet agent pathogène de la pyriculariose dans son centre d'origine présumé. Une première étape consistera à mieux délimiter ce centre en étudiant les populations de différents pays au sud de l'Himalaya. Dans un deuxième temps, il s'agira de prélever des échantillons d'un plus grand nombre de populations dans les meilleures zones candidates identifiées. Cet échantillonnage nécessitera le concours de partenaires dans les différents pays ciblés.

Ce projet vise à établir des contacts et à instaurer des partenariats en Asie du Sud pour identifier des partenaires pertinents et, à terme, préparer un projet collaboratif sur la pyriculariose du riz. Les chercheurs impliqués dans ce projet identifieront ces partenaires et les formeront aux différentes techniques de génotypage habituellement utilisées pour caractériser le champignon de la pyriculariose du riz. L'objectif final est de développer un réseau de partenaires et une plateforme internationale pour étudier la diversité du pathogène fongique du riz le plus dévastateur, *Magnaporthe oryzae*.

Actions menées et résultats obtenus :

Les objectifs de ce projet étaient d'établir des contacts et d'initier une collaboration avec des partenaires en Asie Continentale du Sud pour identifier des partenaires fiables en vue de préparer un projet de collaboration sur la diversité de l'agent de la pyriculariose du riz. L'objectif final est de développer un réseau de partenaires et une plate-forme internationale pour l'étude de la diversité de l'agent pathogène fongique le plus dommageable du riz, *Magnaporthe oryzae*. Nous avons contacté plus de 20 partenaires pour explorer la possibilité de mettre en place des collaborations. Nous avons réalisé des missions prospectives dans la province du Yunnan en Chine, au Laos et au Népal pour visiter différents groupes de recherche travaillant sur riz et / ou la pyriculariose du riz que nous avons présélectionnés. Ces missions ont été suivies par un travail en collaboration, qui a consisté à obtenir des échantillons de riz malade, isoler des souches de *M. oryzae*, caractériser leur fertilité et leur diversité génétique. Cela s'est traduit par l'isolement de 335 souches et la

caractérisation de 235 d'entre elles. Parmi ces échantillons, nous avons identifié une population particulière qui montre toutes les caractéristiques d'une population ayant une reproduction sexuée. C'est la première fois qu'une telle population est identifiée sans ambiguïté pour l'agent de la pyriculariose du riz. Nous avons accueilli un collègue népalais à Montpellier pour le former à nos méthodes d'isolement de souches et de caractérisation biologiques et moléculaires. Nous avons également réalisé une mission aux Philippines pour essayer d'impliquer l'IRRI dans la construction du réseau.

L'objectif initial de soumettre à des bailleurs potentiels un projet ambitieux de collaboration internationale n'a pu être atteint faute d'appel à propositions approprié. Mais, les missions prospectives nous ont permis d'identifier des partenaires fiables et d'initier des collaborations. Les données préliminaires obtenues ont orienté le choix de zones géographiques à étudier plus en détail. Les résultats ont été présentés dans différentes conférences nationales et internationales et une partie d'entre eux est intégrée dans un article soumis pour publication dans une revue internationale à comité de lecture.

Perspectives :

Le projet a généré des collaborations efficaces et des résultats scientifiques prometteurs. Nous cherchons à renforcer ces collaborations et à conforter les résultats scientifiques. Nous maintiendrons nos efforts pour mettre en place de nouvelles collaborations en Asie Continentale du Sud. Nous continuerons à rechercher des appels à propositions qui puissent soutenir des coopérations bilatérales ou des réseaux sur la diversité de l'agent de la pyriculariose du riz dans cette région.

Financement total par Agropolis Fondation : 20 800 € (frais de déplacement)

Catégorie(s) de soutien : soutiens divers (soutien à la préparation de dossiers de candidature aux appels à projets nationaux ou internationaux, notamment ANR et UE)

Durée du projet : 18 septembre 2008 – 31 mars 2010

Mots clés : pyriculariose du riz - champignon – atelier – phénotypage – génotypage – génétique des populations

Année de l'AAP : 2008

Projet N° 0802-010

Titre : Collecte de ressources génétiques des cacaoyers sauvages liées aux quantités de chocolat aromatique en Amazonie équatorienne

Unité responsable du projet : AGAP (Amélioration génétique et adaptation des Plantes) (CIRAD, INRA, SupAgro)

Porteur de projet : Claire Lanaud (claire.lanaud(a)cirad.fr)

Pays associé au projet : Equateur

Unités de recherche du réseau scientifique d'Agropolis Fondation associés : QUALISUD

Sous-axes thématiques : BIP-1: Génétique et génomique, amélioration des plantes, écophysiologie, DSTI-2: Innovations agro-alimentaires, valorisation alimentaire et non alimentaire des productions végétales

Objectifs :

L'amélioration de la qualité des aliments, sur un plan tant nutritionnel qu'organoleptique, constitue désormais une forte demande dans la société. *Theobroma cacao* est essentiellement cultivé en Afrique de l'Ouest, en Amérique latine et en Asie. D'après l'Organisation internationale du cacao (ICCO), 14 millions de personnes travaillent à la culture cacaoyère.

L'arôme est le principal critère de qualité pour les producteurs de chocolat. Il est très lié au traitement post-récolte (effets environnementaux, stockage, fermentation, séchage, torréfaction). Néanmoins, l'origine génétique est aussi un fort déterminant de la saveur, indépendamment du traitement post-récolte. Le cacao peut se classer en deux grandes catégories : le cacao standard, qui représente l'essentiel du marché, et le cacao fin, utilisé pour produire le chocolat fin et aromatique, obtenu à partir de deux grandes variétés : Criollo et Nacional (d'Equateur). Le cacao Nacional bénéficie de l'appellation « cacao fin » et vaut donc plus cher sur le marché. Toutefois, sous l'effet de l'introgession de variétés étrangères, une partie du cacao équatorien a été déclassé et est désormais considéré comme un cacao « standard », échangé à un prix moindre.

Les objectifs de ce projet sont de collecter un vaste ensemble de ressources génétiques sur le cacaoyer sauvage *Theobroma cacao*, proche de la variété aromatique Nacional et potentiellement riche en arôme, dans 2 régions équatoriennes de l'Amazonie récemment identifiées par notre équipe comme les régions d'origine potentielles de la variété Nacional. Après une caractérisation morphologique des échantillons, ceux-ci seront propagés par greffage de bourgeon. Des analyses biochimiques et moléculaires seront ensuite menées pour étudier leur diversité. Cet enrichissement des ressources génétiques facilitera l'amélioration de nouvelles variétés résistantes et productives de Nacional, présentant un fort arôme floral comparable à celui de la variété initiale.

Financement total par Agropolis Fondation : 45 672 € (frais de déplacement de trois scientifiques français en Equateur pour trois mois, petit équipement, frais de fonctionnement, allocation d'un mois pour un scientifique junior équatorien)

Catégorie(s) de soutien : chercheur invité, soutiens divers (soutiens à des projets exploratoires, risqués et innovants)

Durée du projet : 1^{er} janvier 2009 – 31 décembre 2011

Mots clés : *Theobroma cacao* – cacao – ressources génétiques – diversité - arômes

Année de l'AAP : 2008

Projet N° 0802-012 Achevé

Titre : Analyse de l'expression des gènes de <i>Xanthomonas albilineans</i> lors de l'échaudure des feuilles chez la canne à sucre

Unité responsable du projet : BGPI (Biologie and Génétique des Interactions Plantes/Pathogènes) (CIRAD, INRA, Montpellier SupAgro)

Porteur de projet : Monique Royer (monique.royer(a)cirad.fr)

Pays associé au projet : USA

Unités de recherche du réseau scientifique d'Agropolis Fondation associés : LGDP

Sous-axes thématiques : BIP-2: Maladies et ravageurs des plantes, protection intégrée des cultures, écologie des populations

Objectifs :

Les mécanismes d'invasion du xylème par les bactéries phytopathogènes sont encore mal connus. *Xanthomonas albilineans* est l'agent responsable de l'échaudure des feuilles de la canne à sucre, l'une des principales maladies de cette plante, et compte parmi les plus anciennes espèces du genre *Xanthomonas*. Ce pathogène se multiplie dans le xylème et devient systémique, colonisant l'ensemble de l'hôte. *X. albilineans* a plusieurs caractéristiques inhabituelles qui distinguent sa pathogénie de celle d'autres espèces de *Xanthomonas*.

Le séquençage récent et l'annotation du génome de *X. albilineans* ont révélé que sa taille (3,7 Mb) est inférieure à celle des génomes des autres espèces de *Xanthomonas* séquencés à ce jour (environ 5 Mb). De plus, *X. albilineans* possède 518 gènes non présents dans d'autres espèces de *Xanthomonas*, mais est dépourvu du système de sécrétion de type III de la famille Hrp (T3SS), qui existe ou semble exister dans la plupart des autres espèces de *Xanthomonas* pathogènes. Le système Hrp est utilisé pour injecter des protéines effectrices de pathogénie dans les cellules végétales.

Il est indispensable d'identifier de nouveaux gènes candidats potentiellement impliqués dans la pathogénèse. L'objectif de ce projet est d'étudier dans son intégralité, en se servant de la technologie des puces à ADN, la réponse de *X. albilineans* à l'environnement hôte de la canne à sucre durant la colonisation du xylème et pendant la vie épiphytique du pathogène.

L'expression des gènes de la bactérie sera quantifiée en utilisant la technologie des puces à ADN, qui a été récemment utilisée avec succès par le professeur Caitilyn Allen pour étudier la réponse de *Ralstonia solanacearum* à l'environnement hôte de la tomate.

Actions menées et résultats obtenus :

Action 1: Mise en place d'expérimentations pour étudier l'expression des gènes de *Xanthomonas albilineans* au cours du développement de l'échaudure des feuilles de la canne à sucre

Xanthomonas albilineans est une bactérie pathogène de la canne à sucre qui se multiplie dans les vaisseaux du xylème. Elle est responsable de la maladie de l'échaudure des feuilles de la canne à sucre. L'objectif de ce projet est d'identifier les gènes spécifiquement exprimés chez *X. albilineans* lors de la colonisation du xylème. Dans ce but, nous avons choisi de réaliser des analyses Microarray d'ARN préparés à partir de bactéries isolées dans la tige de plants de canne à sucre inoculés avec *X. albilineans*.

Des puces à ADN spécifiques du transcriptome de *X. albilineans* ont été dessinées et construites par la société NimbleGen (Wisconsin-Madison, USA) sur la base de la séquence du génome de la souche GPE PC73 de *X. albilineans*. Ces puces sont spécifiques des séquences suivantes:

- les 3209 séquences codantes annotées dans le génome de la souche GPE PC73 de *X. albilineans*,
- la totalité des régions intergéniques identifiées dans le génome de la souche de GPE PC73 de *X. albilineans*
- 505 ESTs de *Saccharum officinarum* correspondant soit à des orthologues de gènes de riz impliqués dans les mécanismes de défense ou soit à des EST présents en plusieurs copies (30 à 300) dans les banques et donc probablement exprimés de façon constitutive.

Des ARN totaux ont été préparés à partir de bactéries isolées dans la tige de plants de canne à sucre inoculés avec *X. albilineans*. Pour cela nous avons suivi le protocole développé dans le laboratoire du professeur Caitilyn Allen pour la préparation d'ARN totaux à partir de bactéries isolées dans la tige de plants de tomate inoculés avec *Ralstonia solanacearum*, une bactérie pathogène qui se multiplie dans le xylème. Des ARN totaux ont également été préparés à partir de culture de *X. albilineans*. Ces ARN vont être prochainement analysés par la société NimbleGen en utilisant les puces à ADN construites dans le cadre de ce projet. L'équipe du professeur Caitilyn Allen participera au traitement bioinformatique des données de Microarray. L'analyse différentielle des données de Microarray obtenues avec les ARN préparés à partir de bactéries isolées dans la tige de plants de canne à sucre et avec les ARN préparés à partir de cultures de *X. albilineans* nous permettra d'identifier des gènes spécifiquement exprimé lors du développement de l'échaudure des feuilles.

Action 2: Participation aux enseignements de Montpellier SupAgro

- Cours de trois heures à Montpellier SupAgro le 26 janvier 2009 à l'attention des étudiants du Master IPM Tropical (étudiants africains francophone): Diagnostic et gestion des maladies bactériennes des plantes tropicales.
- Cours de deux heures à Montpellier SupAgro le 20 avril 2009 dans le cadre du module "Biologie évolutive et diversité du vivant": Evolution et phylogénie des bactéries phytopathogènes.
- Participation le 23 janvier 2009 au comité de thèse de Mélanie Marguerettaz de l'école doctorale SIBAGHE (travaux de thèse réalisés à l'UMR BGPI sous la direction de Monique Royer)

Perspectives :

Action 1: Les gènes identifiés lors des analyses Microarrays comme spécifiquement exprimés lors du développement de l'échaudure des feuilles feront l'objet d'une étude plus approfondie. L'expression de ces gènes chez les bactéries isolées à partir de tige de plants de canne à sucre sera étudiée en utilisant la technique RT-PCR quantitative et le rôle de ces gènes dans la colonisation du xylème sera exploré à l'aide de mutants chez lesquels ces gènes seront inactivés. Le professeur Caitilyn Allen sera associé à ces travaux.

Action 2: Le professeur Caitilyn Allen continuera à participer aux programmes d'échange d'étudiants entre l'université du Wisconsin-Madison et Montpellier SupAgro. Elle participera également aux futurs comités de thèse des étudiants de l'UMR BGPI dont les travaux porteront sur l'étude de la pathogénie de *X. albilineans*.

Financement total par Agropolis Fondation : 21 360 € (frais de déplacement, de logement, frais de fonctionnement)

Catégorie(s) de soutien : chercheur invité (scientifique senior, moins de 12 mois)

Durée du projet : 15 octobre 2008 – 30 juin 2010

Mots clés : *Xanthomonas albilineans* – pathogénicité – expression des gènes – puces ADN

Année de l'AAP : 2008

Projet N° 0802-019 Achevé

Titre : AGRO2010 MONTPELLIER – Semaine scientifique autour de l'agronomie
--

Unité responsable du projet : UMR SYSTEM (fonctionnement et conduite de systèmes de culture tropicaux et méditerranéens) (CIRAD, INRA, Montpellier SupAgro)

Porteur de projet : Jacques Wery (wery(a)supagro.inra.fr)

Pays associés au projet : International

Unités de recherche du réseau scientifique d'Agropolis Fondation associés : AMAP, BGPI, CBGP, AGAP, EMMAH, ECO&SOLS, GREEN, INNOVATION, LAMETA, LEPSE, LISAH, LSTM, PSH.

Sous-axes thématiques : BIP-1: Génétique et génomique, amélioration des plantes, écophysiologie, BIP-2: Maladies et ravageurs des plantes, protection intégrée des cultures, écologie des populations, DSTI-1: Innovations agro-environnementales, agro-écosystèmes, gestion des ressources, DSTI-3: Processus d'innovation, gestion sociale de l'innovation

Objectifs :

Le rôle imparti à l'agronomie par la société était d'améliorer la production à l'aide d'intrants (engrais, pesticides, énergie). Au cours des 20 dernières années, l'agronomie est progressivement revenue à son projet originel, en intégrant les effets de l'environnement dans l'évaluation ou dans la conception des systèmes de culture. Depuis le lancement de l'appel à projets Systerra de l'Agence nationale de la recherche (ANR), le défi consiste à concevoir des agro-écosystèmes à rendement élevé s'appuyant sur des intrants limités et influant peu sur l'environnement. Cela doit se faire dans un contexte de développement durable, ce qui ajoute des critères socio-économiques à cette vision multifonctionnelle de l'agronomie. Bien qu'elle reste profondément ancrée dans l'étude du fonctionnement biophysique des champs cultivés, la science agronomique obéit aujourd'hui à une approche systémique multi-échelles et multi-critères.

Ce projet a pour but d'organiser, à l'occasion du 11^e Congrès de la Société européenne d'agronomie (ESA), qui se tiendra à Montpellier en 2010, un événement scientifique international autour de l'agronomie (Agro2010). Cette manifestation comprendra une série de colloques et d'ateliers consacrés (i) aux défis scientifiques qui se posent à la recherche agronomique dans le cadre du développement durable, (ii) à la présentation et à la discussion des progrès récents en matière d'interfaces entre l'agronomie et ses disciplines connexes, enfin, (iii) aux avancées majeures et au calendrier de la recherche agronomique en Europe et dans le monde en développement.

Des ateliers spécifiques seront organisés à l'intention des jeunes chercheurs et des étudiants des pays en développement, pour les aider à gérer leur projet de recherche et à nouer des liens avec les scientifiques d'Agropolis Fondation.

Actions menées et résultats obtenus :

La semaine scientifique internationale Agro 2010 (Montpellier 29 Août - 3 Septembre 2010) a été co-organisée par Agropolis International et par la Société Européenne d'Agronomie (ESA) pour son XI^e congrès, avec l'appui de SupAgro, de l'Inra et du Cirad sous la présidence de Jacques Wery (Secrétaire Exécutif de l'ESA). Ce congrès a été conçu pour montrer la cohérence scientifique, les ambitions et les apports de l'agronomie aux questions brûlantes du XXI^e siècle en ce qui concerne l'agriculture et sa contribution au développement durable. Ceci concernait plus particulièrement l'adaptation au changement climatique, l'intensification écologique, l'accroissement de la production alimentaire et la conception de systèmes de culture performants mais moins dépendants des produits phytosanitaires, des engrais et de l'énergie. Cet événement permettait de construire des parcours différenciés à partir des éléments suivants :

- Un colloque international sur l'Agronomie et le Développement Durable en plénière, réunissant des conférenciers de haut niveau et faisant dialoguer scientifiques, décideurs politiques et institutionnels.
- Trois symposiums parallèles sur les fronts scientifiques aux interfaces entre avec l'agronomie et d'autres champs disciplinaires du pôle montpelliérain (biologie, écologie et économie),
- Trois symposiums organisés par les divisions scientifiques de l'ESA sur les trois piliers de l'Agronomie moderne:
 - o Biologie Systémique des plantes cultivées des systèmes de culture (ESA-division 1)
 - o Agroécologie des Champs Cultivés (ESA-division 2)
 - o Systèmes de culture au niveau local, régional et mondial (ESA-division 3)
- Un symposium axé plus particulièrement sur les recherches participatives entre agronomes chercheurs et agents du développement et sur la valorisation des résultats de la recherche en Europe et en Afrique.
- Deux cours internationaux sur la modélisation et sur l'évaluation intégrée des systèmes agricoles pour les jeunes chercheurs et doctorants, avec une priorité donnée à ceux venant des pays du Sud
- Trois excursions techniques en région permettant de découvrir les grands types d'agriculture de la région et leur ancrage dans l'histoire, les paysages et le tissu économique de la région.
- Deux séminaires visant à développer des collaborations entre les unités de recherche Montpelliéraines, françaises et des réseaux internationaux, sur l'adaptation de l'agriculture aux changements globaux dans les pays de l'OCDE et sur l'intensification écologique dans les systèmes de culture tropicaux.
- En ouverture de ce congrès une soirée de rencontre-débats autour de films et de saynètes de théâtre sur l'agriculture et le rôle des agronomes, a été proposée à la population de Montpellier et sa région qui a répondu en nombre et avec enthousiasme.

Agro2010 a rassemblé 590 participants, ce qui est un record dans les congrès de l'ESA. 56 pays étaient représentés dont 25% hors Europe. Sur les 4 premières journées du congrès les symposiums et colloques ont permis d'organiser 29 sessions scientifiques de deux heures chacune. Plus de 500 résumés ont été reçus lors de l'appel à communication. 470 ont été publiés dans les actes du congrès sous forme d'articles de deux pages, 160 ont été sélectionnés pour les communications orales et 370 ont été présentés sous forme de posters. Toutes ces communications et poster sont disponibles sous forme de texte, de présentation et de films sur le site www.agropolis.fr/agro2010

Perspectives :

Agro2010 a montré que la communauté scientifique d'Agropolis avait la capacité de mobiliser pendant une semaine 600 scientifiques du monde entier en faisant jouer les effets de synergie entre différentes formes d'interactions entre scientifiques (symposium, workshop), avec des jeunes (cours) et avec le grand public autour de l'agronomie.

Le dossier Agropolis International édité à cette occasion sur "Plantes et Systèmes de Culture" est une base opérationnelle pour la communication nationale et internationale (disponible à <http://www.agropolis.org/publications/thematic-files-agropolis.php>) et identifie une communauté d'unités de recherche pour des animations ultérieures.

A l'occasion d'Agro2010, et grâce à l'appui d'Agropolis International, la Société Européenne d'Agronomie (<http://www.european-agronomy.org>) a établi son secrétariat à Montpellier, ce qui permettra de prolonger la dynamique internationale autour de l'agronomie issue de ce congrès.

Financement total par Agropolis Fondation : 61 136 € (édition, invitation des intervenants, indemnités pour les membres du conseil scientifique, allocations pour vingt jeunes scientifiques venant de pays en voie de développement)

Catégorie(s) de soutien : chercheur invité, soutiens divers (aide à l'organisation d'évènements scientifiques de haut niveau : colloques, séminaires, ateliers etc.)

Durée du projet : 1^{er} septembre 2008 – 31 décembre 2010

Mots clés : AGRO2010 – agronomie – développement durable

Année de l'AAP : 2008

Projet N° 0802-020 Achevé

Titre : Intégration des ressources protéomiques pour le phénotypage moléculaire de la croissance des plantes en réponse aux changements environnementaux et climatiques

Unité responsable du projet : Protéomique (INRA)

Porteur de projet : Michel Rossignol (rossignol(a)supagro.inra.fr)

Pays associés au projet : Belgique, Allemagne

Unités de recherche du réseau scientifique d'Agropolis Fondation associés : BPMP, LEPSE

Sous-axes thématiques : BIP-1: Génétique et génomique, amélioration des plantes, écophysiologie, BIP-2: Maladies et ravageurs des plantes, protection intégrée des cultures, écologie des populations

Objectifs :

L'objectif du projet était de construire des ressources protéomiques permettant de caractériser le phénotype en transporteurs de la membrane plasmique d'*Arabidopsis*, pour en étudier ensuite les réponses à des contraintes environnementales et tenter de les comparer à celles du phénotype foliaire macroscopique.

La stratégie protéomique retenue repose sur une approche de protéomique ciblée, par spectrométrie de masse en mode Multiple Reaction Monitoring (MRM), autorisant à la fois une sensibilité et une spécificité très élevées. La méthodologie comprend trois étapes : l'identification bioinformatique des peptides d'intérêt et la prédiction de leur comportement en LC-MS/MS, la synthèse de versions légères ou marquées par des isotopes lourds de ces peptides, et l'optimisation instrumentale pour chaque peptide.

Cela devrait donner des informations protéomiques intégratives sur le réseau des systèmes de transport impliqués dans la réponse aux changements de disponibilité des nutriments, et ajouter au phénotypage moléculaire une dimension protéomique à une échelle compatible avec le phénotypage macroscopique actuel des végétaux.

Actions menées et résultats obtenus :

► Identification des peptides d'intérêt.

Trois grands types de transporteurs ont été retenus dans cette étude pilote : les H⁺-ATPases pompes à proton en tant que transporteurs primaires (famille des AHA), les transporteurs d'influx ou d'efflux d'azote tant sous forme nitrate qu'ammonium (familles des AMT, des NRT et des POT) comme exemple de transporteurs secondaires, et les aquaporines comme canaux (famille des PIP). Pour ces familles, l'analyse bioinformatique a tout d'abord permis d'identifier ca 800 peptides tryptiques comme étant uniques dans le génome d'*Arabidopsis* et pouvant donc être utilisés pour identifier spécifiquement une isoforme dans une famille. Leur propension à être analysables en LC-MS/MS a ensuite été calculée en utilisant divers prédicteurs. L'ensemble de ces résultats a été finalement expertisé par les différents groupes partenaires et spécialistes de l'une ou l'autre des familles, de façon à sélectionner les accessions et les peptides les plus pertinents, sur la base de connaissances spécifiques (données d'expression, modification post-traductionnelles, disponibilité de mutants). Un total de 30 transporteurs a été ainsi retenu pour des analyses par MRM.

► Synthèse peptidique.

Trente-deux peptides recouvrant les 30 accessions (5 AHAs, 13 PIPs, 5 AMTs, 5 NRTss et 2 POTs) ont été synthétisés sous formes légère et lourde.

► Optimisation instrumentale.

L'atteinte d'une sensibilité optimale nécessite d'optimiser tant les conditions d'ionisation des peptides que celles de leur fragmentation. Pour ces conditions optimales, les courbes de réponses de chaque peptide doivent ensuite être déterminées sur une base statistique robuste pour définir les limites de détection et de quantification (LOD, LOQ). Par ailleurs, plusieurs démarches de quantification (reposant soit sur l'utilisation de peptides légers, soit sur celle de peptides lourds) ont été comparées. La méthode finalement retenue comme la plus robuste repose sur (i) l'introduction dans chaque échantillon du mélange complet des peptides lourds et (ii) la réalisation des gammes d'étalonnage dans une matrice constituée par un digestat des échantillons biologiques.

► Résultats.

En termes de ressource (définition des séquences utilisables, disponibilité des peptides lourds, conditions d'analyse pour chaque peptide), le projet a abouti à un outil permettant la caractérisation simultanée des 28 accessions, à l'exception du transporteur d'ammonium AMT1.1. Pour ce dernier, la majorité des 7 peptides l'identifiant de façon spécifique dans le génome d'*Arabidopsis* présente des caractéristiques prédites comme défavorables, et les autres peptides peuvent exister sous plusieurs états du fait de modifications post-traductionnelles ou chimiques. Le peptide le moins défavorable avait été initialement retenu. Il ne s'est de fait avéré analysable que pur ou en mélange peu complexe (comme avec la trentaine d'autres peptides synthétisés), mais n'est plus détectable de façon robuste dans des matrices complexes (comme un digestat de protéines membranaires). Ce peptide a été abandonné pour la suite du projet. Cette situation indique que l'approche par MRM peut ne pas avoir une application réellement universelle dans le cas de familles multigéniques très homologues où l'identification de séquences favorables peut s'avérer problématique.

En termes de phénotypage moléculaire, du fait de la synthèse tardive de certains peptides, la ressource n'a pu être utilisée que marginalement sur des plantes simultanément phénotypées pour leurs caractéristiques macroscopiques en situation de stress salin. Le phénotypage moléculaire a été réalisé, au niveau racinaire, sur des plantes cultivées en hydroponie et soumises à un stress salin court (NaCl 150 mM, 4 heures). Trois AHAs, les 13 PIPs, 2 AMTs et 2 NRTs ont été simultanément identifiés et quantifiés dans les racines avec des différences d'accumulation couvrant 3 ordres de grandeur. L'abondance de onze de ces transporteurs s'est révélée être significativement diminuée par le stress salin. Ces résultats sont originaux à plusieurs titres :

- pour nombre des transporteurs, ils correspondent à leur première observation directement en tant que protéines (les anticorps disponibles ne permettant pas jusque-là de distinguer les isoformes);
- ils constituent la première analyse simultanée de plusieurs familles de transporteurs couvrant les principales catégories (transporteurs primaires, transporteurs secondaires, canaux);
- ils donnent accès à des réponses fonctionnelles (régulation d'expression) jusque-là accessibles uniquement au niveau des transcrits. De ce point de vue, pour la majorité des protéines, les résultats obtenus (i) indiquent une déconnexion faible avec les données publiées pour l'accumulation des transcrits de PIPs dans la racine, et (ii) montrent, pour les différentes familles, une bonne corrélation globale entre les réponses du transcriptome et du protéome au stress salin.

► Conclusions.

Le projet a permis de développer une ressource pour le phénotypage moléculaire simultanée de différentes familles de transporteurs, sans équivalent par ailleurs, y compris hors domaine végétal. Cette ressource est réutilisable et a déjà été mise à profit pour éprouver l'impact du régime lumineux sur l'expression des PIPs dans la feuille. La démarche mise en place est générique et, sous réserve de limitations ponctuelles dans certaines familles multigéniques, est portable à plus large échelle tant pour couvrir d'autres familles de transporteurs que plus généralement dans des stratégies de protéomique ciblée.

Article :

Monneuse JM, Sugano M, Bécue T, Santoni V, Hem S, Rossignol M. Towards the profiling of the *Arabidopsis thaliana* plasma membrane transportome by targeted proteomics. Proteomics, in press.

Financement total par Agropolis Fondation : 39 297 € (frais de fonctionnement)

Catégorie(s) de soutien : soutiens divers (soutiens à des projets exploratoires, risqués et innovants)

Durée du projet : 1^{er} janvier 2009 – 15 December 2010

Mots clés : protéomique – phénotypage – transporteurs

Année de l'AAP : 2008

Projet N° 0802-021

Titre : Impact de l'évolution des contraintes environnementales et anthropogéniques sur la diversité de cultures à multiplication asexuée : vers une proposition de recherche internationale sur l'agrobiodiversité de l'igname

Unité responsable du projet : DIADE (Diversité, Adaptation et développement des Plantes) (IRD, UMII)

Porteur de projet : Jean-Louis Pham (pham(a)ird.fr)

Pays associés au projet : Pays-Bas, Royaume Uni, Guinée, Côte d'Ivoire, Ghana, Bénin, Togo, Nigéria, Cameroun, International

Unités de recherche du réseau scientifique d'Agropolis Fondation associés : AGAP, CBGP

Sous-axes thématiques: BIP-1: Génétique et génomique, amélioration des plantes, écophysologie, BIP-2: Maladies et ravageurs des plantes, protection intégrée des cultures, écologie des populations, DSTI-1: Innovations agro-environnementales, agro-écosystèmes, gestion des ressources

Objectifs :

L'igname est très importante pour la sécurité alimentaire en Afrique (continent qui représente à lui seul 90 % de la production mondiale de ce tubercule). Pourtant, la recherche visant à améliorer et à conserver la diversité de cette culture est mal organisée. Les collections africaines de germoplasmes sont généralement peu étudiées. Il n'existe aucun réseau international d'étude des cultures africaines et les travaux menés portent sur des zones géographiques limitées. L'importance agronomique de cette culture justifie le développement d'initiatives internationales encourageant des partenariats entre acteurs à une grande échelle géographique.

Ce projet vise à élaborer une proposition de recherche concernant l'impact des changements environnementaux naturels et anthropogéniques sur l'agrobiodiversité des cultures à multiplication végétative. Il sera ensuite présenté dans le cadre d'un appel d'offres international (Union européenne, Biodiversa, Agence nationale de la recherche).

Les cultures doivent s'adapter, par des processus d'évolution naturels ou induits par l'homme, aux nouvelles conditions environnementales, c'est-à-dire au réchauffement climatique, à l'apparition de nuisibles ou aux nouveaux objectifs agronomiques. La diversité des cultures et des espèces sauvages qui leur sont apparentées est menacée par les changements de gestion des agroécosystèmes ou par la fragmentation des habitats naturels qui affecte les interactions entre les compartiments sauvage et cultivé. L'adaptation *in situ* devra s'effectuer sur la base d'une diversité génétique moindre, c'est-à-dire d'une moindre matière pour les changements adaptatifs.

Comment une telle adaptation peut-elle avoir lieu pour les cultures à multiplication végétative, qui ne bénéficient pas du « pouvoir d'innovation » de la recombinaison génétique ? Pour faire simple, la diversité de ces cultures s'appauvrira inévitablement sous l'effet de la dérive génétique et de la décision des agriculteurs d'écarter certaines variétés : seules les mutations stimuleront la diversité génétique.

La réalité est cependant plus complexe. Les études montrent que, pour quelques racines et tubercules, la reproduction sexuée joue malgré tout un rôle dans la dynamique de la diversité.

Le projet étudiera l'interaction de ces processus complexes, afin de développer des scénarios d'évolution de l'agrobiodiversité de l'igname – plante à tubercule d'une importance capitale pour la sécurité alimentaire des pays tropicaux – dans les agroécosystèmes africains en évolution, et pour

œuvrer ainsi à la conservation de cette culture et à son utilisation sur une grande échelle géographique.

Ce projet réunira différents partenaires et personnes ressources pour étudier :

- les principaux facteurs d'évolution de l'agrobiodiversité de l'igname
- l'état des connaissances en génétique spatiale/génétique du paysage, notamment la disponibilité des cultures à multiplication asexuée
- la phylogénie de l'igname pertinente à des fins de conservation génétique
- le potentiel adaptatif de l'igname ;
- des outils d'intégration de données génétiques, socioéconomiques et environnementales
- la connexion de ces outils (bases de données, SIG) aux approches de modélisation

Financement total par Agropolis Fondation : 21 029 € (frais de déplacement)

Catégorie(s) de soutien : soutiens divers (soutien à la préparation de dossiers de candidature aux appels à projets nationaux ou internationaux, notamment ANR et UE)

Durée du projet : 15 novembre 2008 – 15 juillet 2010

Mots clés : Igname – agrobiodiversité – cultures

Année de l'AAP : 2008

Projet N° 0802-022 Achevé

Titre : Réponses adaptatives de la symbiose fixatrice d'azote *Medicago truncatula* - rhizobia à la limitation de l'acquisition d'azote

Unité responsable du projet : LSTM (Laboratoire des Symbioses Tropicales et Méditerranéennes) (CIRAD, INRA, IRD, Montpellier SupAgro, UMII)

Porteur de projet : Gisèle Laguerre (gisele.laguerre(a)supagro.inra.fr)

Unités de recherche du réseau scientifique d'Agropolis Fondation associés : BPMP

Sous-axes thématiques : BIP-1: Génétique et génomique, amélioration des plantes, écophysiole, BIP-2: Maladies et ravageurs des plantes, protection intégrée des cultures, écologie des populations, DSTI-1: Innovations agro-environnementales, agro-écosystèmes, gestion des ressources

Objectifs :

Dans le sol, les racines sont en permanence soumises à des stress biotiques et abiotiques qui suppriment localement l'acquisition de N. De plus, chez les légumineuses les racines forment des nodules en présence de populations bactériennes hétérogènes et fluctuantes constituées de plusieurs souches de rhizobiums d'efficacité variable pour la fixation symbiotique du N₂. Le maintien de la croissance de la plante dans de telles situations dépend de sa capacité à compenser le déficit en augmentant la capacité d'acquisition des racines restées non stressées. Des travaux récents ont permis de caractériser ces réponses adaptatives chez *Medicago truncatula* (Ruffel et al., 2008, Plant Physiol 146: 2020-2035 ; Jeudy et al., 2010, New Phytol 185: 817-828). Dans le cas de plantes alimentées par NO₃⁻, la plante compense très rapidement et très efficacement le déficit, d'abord en accroissant la capacité d'absorption des racines restées alimentées puis en stimulant préférentiellement leur prolifération. Il existe également une réponse compensatoire chez les plantes fixatrices d'N₂ (symbiose avec la souche modèle *Sinorhizobium meliloti* RCR2011/ déficit local provoqué par un traitement Ar/O₂), mais celle-ci est nettement moins efficace et plus lente. Elle ne s'accompagne d'aucun accroissement de l'activité spécifique de fixation des nodules existants (qui semble être en permanence à son maximum) et ne dépend que de la stimulation du développement nodulaire chez les racines non stressées restées alimentées. Notre objectif a été de déterminer chez *M. truncatula* l'impact de la variabilité bactérienne pour l'efficacité à fixer le N₂ sur les réponses fonctionnelles (activité nodulaire, acquisition d'N chez la plante entière) et développementales (nodosités et racines) en exploitant la variabilité génétique naturelle existant chez les rhizobiums compatibles.

Des études seront menées sur les espèces modèles *M. truncatula* (*Mt*) et un ensemble unique de partenaires rhizobiens compatibles, collectés par le LSTM. L'incidence de la variabilité génétique des rhizobia sur les réponses des structures (taille et nombre des nodules, architecture nodulaire/racinaire) et les fonctions des organes symbiotiques (activité des nodules, apport d'azote) sera étudiée. Cette approche est une première étape vers un projet plus ambitieux, visant à élucider les mécanismes bactériens qui contribuent à l'adaptation de la plante aux fluctuations des facteurs environnementaux.

Actions menées et résultats obtenus :

Le criblage d'une collection de rhizobiums (*S. meliloti* et *S. medicae*) a permis de sélectionner des souches présentant des niveaux d'efficacité à fixer le N₂ en symbiose avec *M. truncatula* inférieurs ou supérieurs à celui de RCR2011. La réponse compensatoire de la plante a été caractérisée chez des plantes nodulées avec chacune de ces souches dans des dispositifs de type split-root. L'effet de la suppression locale de la fixation de N₂ appliquée à une moitié du système racinaire a été étudié sur les racines de la même plante restées fixatrices. Pour les réponses de court terme (4 j), le traitement suppresseur a consisté à remplacer l'air, par un mélange d'argon et d'oxygène. Pour les

réponses de long terme (30 j), la limitation en azote a été obtenue en faisant noduler la moitié du système racinaire avec une souche de *S. meliloti* incapable de fixer le N₂ (mutant fixJ de RCR2011).

Les résultats montrent que le schéma général décrit précédemment pour la symbiose *M. truncatula* –RCR2011 est conservé quelles que soient la souche et son efficacité fixatrice. Dans notre étude, les réponses observées à 30 jours montrent que la plante a compensé totalement la limitation locale du prélèvement d'azote car les biomasses et les teneurs en azote des plantes soumises au traitement sont équivalentes à celles des plantes témoins quelle que soit la souche considérée. Pour toutes les souches la réponse compensatoire à la limitation localisée en azote dépend uniquement de la stimulation du développement nodulaire et non de l'augmentation de l'activité spécifique nodulaire au niveau des racines non traitées (fixatrices d'azote). Les réponses observées sont cohérentes avec un rétrocontrôle négatif systémique exercé par les assimilats N de la plante sur le développement nodulaire. L'ampleur de la réponse adaptative à long terme dépend de l'activité fixatrice de N₂ de la souche : en effet, plus la souche est efficace, plus la réponse compensatoire est importante. Toutefois, la réponse n'est pas uniquement déterminée par le statut N et la demande en N de la plante, mais aussi fortement dépendante de l'efficacité de la souche en interaction avec la plante. En effet, chez les souches peu efficaces, bien que le niveau global de fixation de N soit insuffisant pour satisfaire la demande en N de la plante, le développement nodulaire atteint un seuil. Cela suggère soit une limitation de la réponse par des facteurs nutritionnels (limitation en C, par exemple) ou bien une limitation par les mécanismes liés à l'autorégulation du nombre de nodule (AON) qui semblent être en partie déterminés par la nature de l'interaction symbiotique. Des études avec des plantes cultivées dans une atmosphère enrichie en CO₂ et/ou avec des mutants affectés sur l'AON (mutant hypernodulant) pourraient permettre d'évaluer ces deux hypothèses.

Perspectives :

Diverses études ont montré que la plante-hôte s'associe préférentiellement avec certains génotypes bactériens parmi la diversité génétique disponible dans les populations telluriques, mais des travaux récents indiquent que la structure des populations dans les nodosités change au cours du cycle végétal, varie en fonction de modifications du développement nodulaire et pourrait varier en fonction de contraintes nutritionnelles subies par la plante (Depret et Laguerre, 2008, *New Phytol* 179:224-235 ; Kiers et al., 2007, *Proc. R. Soc. B* 274:3119–3126). Ces résultats suggèrent que les divers composants des populations de rhizobiums peuvent être mobilisés différemment par l'interaction symbiotique en réponse aux conditions environnementales ou au développement de la plante et ainsi contribuer à la plasticité de l'adaptation de la plante à un environnement fluctuant pour la fourniture en N. Nos travaux en cours ont donc maintenant pour objectif de déterminer si la plante, en fonction de sa demande en azote, est capable de sélectionner les bactéries les plus efficaces pour la formation des nodosités et/ou de favoriser la croissance des nodosités existantes formées par les souches les plus efficaces. A plus long terme, et selon les résultats obtenus, il est envisagé de développer un projet visant à décrypter les bases moléculaires de ces réponses adaptatives.

Financement total par Agropolis Fondation : 8 840 € (frais de fonctionnement)

Catégorie(s) de soutien : soutiens divers (soutiens à des projets exploratoires, risqués et innovants)

Durée du projet : 1^{er} octobre 2008 – 31 décembre 2009

Mots clés : symbiose – azote – bactéries fixatrices d'azote – rhizobia – *Medicago truncatula* –

Année de l'AAP : 2008

Projet N° 0802-023 Achevé

Titre : Développement d'un système à haut débit pour l'analyse fonctionnelle de protéines effectrices de virulence de <i>Magnaporthe grisea</i>
--

Unité responsable du projet : BGPI (Biologie and Génétique des Interactions Plantes/Pathogènes) (CIRAD, INRA, Montpellier SupAgro)

Porteur de projet : Thomas Kroj (kroj(a)supagro.inra.fr)

Pays associé au projet : Chine

Unités de recherche du réseau scientifique d'Agropolis Fondation associés : LGDP

Sous-axes thématiques : BIP-2: Maladies et ravageurs des plantes, protection intégrée des cultures, écologie des populations, DSTI-1: Innovations agro-environnementales, agro-écosystèmes, gestion des ressources

Objectifs :

Le but de ce projet est de comprendre les bases moléculaires de la virulence des champignons phytopathogènes. Les agents pathogènes des plantes comme les bactéries, les oomycètes et les champignons secrètent au cours de l'infection de nombreuses protéines qui leur servent à manipuler les défenses de leurs hôtes et à exploiter leurs ressources. Ces protéines dites effectrices sont ainsi des éléments centraux de la virulence microbienne. Chez les bactéries, un certain type d'effecteurs (type III) est injecté directement dans les cellules hôtes. Chez les champignons, ce système n'existe pas. Cependant, certaines protéines secrétées semblent s'accumuler et agir à l'intérieur des cellules hôtes. Afin de comprendre dans quelle mesure et par quels mécanismes elles agissent comme effecteurs de virulence et contribuent à la pathogénie des champignons, le projet analysera les protéines que le champignon pathogène du riz *Magnaporthe grisea* secrète dans le tissu de la plante au cours de l'infection.

L'analyse fonctionnelle des protéines effectrices des champignons est fortement entravée par leur nombre considérable et par leur apparente redondance fonctionnelle. Les souches fongiques mutées pour les effecteurs individuels ne voient généralement pas leur virulence modifiée et il est nécessaire de développer des systèmes d'analyse fonctionnelle pour élucider leur rôle dans la virulence fongique et pour décrypter leur mode d'action.

Dans ce projet sera développé un système à haut débit pour l'analyse fonctionnelle des effecteurs fongiques candidats à partir des pathogènes du riz *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* (*Xoo*) et *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzicola* (*Xoc*). Cela permettra d'identifier les protéines effectrices de *Magnaporthe* ayant une forte incidence sur la virulence ou agissant comme des protéines d'virulence.

De multiples indications suggèrent que les effecteurs de virulence d'un organisme peuvent fonctionner chez d'autres espèces même sans parenté phylogénétique. Les effecteurs fongiques candidats seront ainsi analysés pour leur rôle dans la virulence en les exprimant sous la forme d'une fusion avec un signal de sécrétion de type III chez les bactéries *Xoo* et *Xoc*. Les effecteurs candidats de *Magnaporthe* seront ensuite ajoutés à l'arsenal des facteurs de virulence de *Xanthomonas*. Grâce aux essais de pathogénie, il sera possible d'étudier si cela se répercute (positivement ou négativement) sur la capacité de *Xanthomonas* à coloniser le tissu hôte et à provoquer des symptômes pathologiques.

Les protéines effectrices fongiques présentant des phénotypes intéressants lors de ces essais fonctionnels seront étudiées plus en détail, par exemple en les localisant au cours de l'infection, en mesurant leur contribution à la virulence fongique par génétique inverse, ou encore en identifiant

les processus végétaux qu'elles ciblent et les molécules végétales cibles avec lesquelles elles interagissent.

Actions menées et résultats obtenus

L'objectif du projet était le développement d'un système hétérologue d'analyse fonctionnelle de protéines effectrices fongiques candidates. Le projet initial consistait au développement d'un système basé sur l'utilisation de deux bactéries pathogènes du riz, *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* (Xoo) et *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzicola* (Xoc) pour l'identification des effecteurs de *Magnaporthe oryzae* jouant un rôle de virulence majeur ou agissant en tant que protéines d'avirulence (Avr).

Pour la mise au point du système, des fusions traductionnelles entre les parties N-terminales des protéines AvrBs2 ou AvrXa10 de *Xanthomonas* comprenant des signaux de sécrétion via le système de sécrétion de type III bactérien (T3SS), et des protéines Avr intracellulaire de *M. oryzae*, Avr-Pita, Avr-Pia, Avr-Pii, Avr-Pik, Avr-Pizt et AvrCO39 ont été exprimées dans Xoo et Xoc. Il était attendu que ces souches deviennent avirulentes une fois inoculées sur des variétés de riz porteuses des gènes de résistance correspondants, en raison de la reconnaissance spécifique et intracellulaire des protéines Avr fongiques injectées par Xoo ou Xoc. Cependant, bien que les protéines de fusion soient exprimées correctement dans Xoo, tel que nous l'avons démontré par des expériences de western blot, elles ne confèrent pas l'avirulence indiquant que les fusions ne sont pas fonctionnelles. Ceci pourrait être dû à des effecteurs endogènes de Xoo et de Xoc agissant comme des suppresseurs puissants de la défense de riz et supprimant la résistance induite par les protéines Avr de *M. oryzae*. En raison de ces résultats négatifs, le développement du système hétérologue basé sur l'utilisation de Xoo et Xoc n'a pas été poursuivi.

Un système in vitro permettant de déterminer la capacité d'effecteurs de pathogènes de traverser la membrane plasmique des plantes a été développé par le groupe du Prof Tyler. Des protéines de fusion recombinantes entre effecteurs soupçonnés être transférés dans les cellules hôtes et la GFP sont produites dans *E. coli* et ajoutées aux racines de plantes cultivées in vitro. Des effecteurs transloqués s'accumulent à l'intérieur des cellules de racines conduisant à une coloration du cytoplasme par fluorescence. Une collaboration avec le groupe du Prof Tyler a été établie afin d'identifier des effecteurs transloqués de *M. oryzae*. Trois de six effecteurs de *M. oryzae* testés ont montré une accumulation à l'intérieur des cellules des racines, ce qui suggère leur translocation dans les cellules hôtes lors d'une infection du riz. La translocation d'un de ces effecteurs nommé PWL2, dans des cellules hôtes a été récemment démontrée par imagerie cellulaire, confirmant ainsi les résultats du test in vitro.

Perspectives

A l'heure actuelle, d'autres effecteurs de *M. oryzae* sont testés pour la translocation dans le système in vitro et les motifs nécessaires et suffisants pour la translocation des effecteurs fongiques sont recherchés. En outre, des expériences complémentaires visant à confirmer la translocation des effecteurs par des approches indépendantes, en particulier par imagerie cellulaire, sont en cours.

Financement total par Agropolis Fondation : 36 452 € (équipement, frais de déplacement, support financier pour deux étudiants de master)

Catégorie(s) de soutien : soutiens divers (soutiens à des projets exploratoires, risqués et innovants)

Durée du projet : 15 octobre 2008 – 31 décembre 2010

Mots clés : riz – champignon – virulence – sécrétion – *Xanthomonas* – effecteur

Année de l'AAP : 2008

Projet N° 0802-027 Achevé

Titre : Organisation d'un atelier intitulé « Banques de germoplasme de cultures vivrières référencées en vue d'une collaboration internationale »

Unité responsable du projet : AGAP (Amélioration génétique et adaptation des Plantes) (CIRAD, INRA, SupAgro)

Porteur de projet : Jean-Christophe Glazmann (jean-christophe.glazman(a)cirad.fr)

Pays associé au projet : Mexique

Unités de recherche du réseau scientifique d'Agropolis Fondation associés : DIADE

Sous-axes thématiques : BIP-1: Génétique et génomique, amélioration des plantes, écophysiologie, DSTI-1: Innovations agro-environnementales, agro-écosystèmes, gestion des ressources

Objectifs :

Le concept de « core collections » est largement employé lorsqu'il est question de représenter voire de préserver la diversité génétique. Cependant, le choix et l'utilisation d'une collection de référence sont moins bien compris dès qu'il s'agit d'études d'association.

Dans le cadre du Challenge Programme Génération (CPG), de nombreux efforts sont réalisés pour caractériser la diversité génétique d'une « banque composite » de 21 espèces de plantes cultivées. Cette banque devrait permettre de définir des collections susceptibles de servir pour des caractères d'intérêt et, par conséquent, se prêter à des études d'association.

Un produit CPG majeur en a été tiré : des échantillons de germoplasme référencés, assortis de données validées sur des marqueurs de référence, accessibles au public à l'échelle mondiale sous forme robuste. L'idéal serait que ces échantillons soient largement partagés et utilisés, de façon à permettre l'intégration de nouvelles données et, ainsi, à faciliter la compréhension des processus biologiques en question, compréhension nécessaire à la gestion et à l'utilisation de la diversité du germoplasme.

Ce projet consiste à organiser et à animer un atelier où toutes ces étapes et ces aspects seront décrits et étudiés, tout comme les perspectives et le mode d'organisation nécessaire pour tirer pleinement partie de cette initiative. Ce sera l'occasion de coordonner les actions des différents intervenants engagés dans la gestion de germoplasme au sein de programmes internationaux. Cet atelier aura lieu à Montpellier, en France, du 13 au 17 novembre 2008.

Actions menées et résultats obtenus :

Cet atelier a permis à 71 intervenants de 29 pays différents, comprenant pour moitié des scientifiques spécialistes des cultures, des scientifiques et gestionnaires de banque de germoplasme et des améliorateurs pour l'autre moitié, d'échanger leurs expériences et leurs points de vue sur la définition et l'utilisation de set de référence. Tous les participants à l'atelier ont effectué soit une communication orale, soit un poster. L'atelier a été organisé sous forme de communications orales et sous forme de sessions de réflexion, dont il ressort :

- une affirmation du rôle du Challenge Programme Génération dans l'exploration, l'évaluation et l'utilisation de la diversité génétique, la détermination de set de références pertinents qui doit bénéficier de manière absolument transparente à tous les utilisateurs
- la mise en relation de ce programme avec d'autres initiatives, en particulier, le System-Wide Genetic Resources Program (SGRP) du CGIAR, le Global Crop Diversity Trust et le Global Partnership Initiative for Plant Breeding Capacity Building (GIPB). Toutes les

données obtenues seront disponibles sur les sites internet des autres initiatives avec un accent fort sur les liens avec des données de type passeport ou phénotypique et serviront comme entrées pour des collections plus vastes.

- des informations ont été échangées sur le nombre de sets de référence disponibles, la manière dont ils ont été définis et leurs utilisations. La diversité des situations a été répertoriée, et des verrous identifiés, tels que la représentation des collections initiales, le choix de la méthode utilisée pour construire les sets de référence, la qualité des données, la traçabilité du germoplasme, la disponibilité des informations à joindre lors de l'échange des sets.

Perspectives :

Des points clefs restent à définir, et les actions qui en découlent à mener:

- Gouvernance : qui décide de la pertinence des sets de référence ? Comment sont prises les décisions ?
- Comment sont multipliées les plantes (qui ? avec quel financement ?)
- Développement nécessaire et concomitant d'un système garantissant l'information, en partenariat avec Bioversity
- Point à faire, espèce par espèce des données disponibles, de leur fiabilité, de la demande
- Disponibilité des méthodes
- Evaluation de la qualité au sens large dont un bon nombre ont été abordées jusqu'en septembre 2009 afin que des réponses soient apportées lors du meeting annuel du Generation Challenge Program.

Cela a par exemple initié la mise en place d'un service d'appui pour la gestion des ressources génétiques dans le cadre du Challenge Program (GRSS platform).

Financement total par Agropolis Fondation : 36 031 € (frais de déplacement)

Catégorie(s) de soutien : soutiens divers (aide à l'organisation d'évènements scientifiques de haut niveau : colloques, séminaires, ateliers etc.)

Durée du projet : 1^{er} octobre 2008 – 30 septembre 2009

Mots clés : germoplasme – atelier – culture – diversité génétique

Année de l'AAP : 2008

Projet N° 0802-030

Titre : Confronter différentes théories et cadres d'analyse des systèmes socio-écologiques au moyen de connaissances et de données empiriques

Unité responsable du projet : GREEN (Gestion des Ressources renouvelables et environnement (CIRAD))

Porteur de projet : Martine Antona (martine.antona(a)cirad.fr)

Pays associés au projet : USA, Australie, Norvège

Unités de recherche du réseau scientifique d'Agropolis Fondation associés : CBGP, B-AMR, LAMETA

Sous-axes thématiques : BIP-1: Génétique et génomique, amélioration des plantes, écophysiologie, BIP-2: Maladies et ravageurs des plantes, protection intégrée des cultures, écologie des populations, DSTI-1: Innovations agro-environnementales, agro-écosystèmes, gestion des ressources, DSTI-3: Processus d'innovation, gestion sociale de l'innovation

Objectifs :

Les unités qui participent à ce projet développent depuis vingt ans des activités de recherche sur les systèmes socio-écologiques visant à mieux comprendre notamment les relations entre l'agriculture et la biodiversité, les politiques et les dynamiques paysagères, la gestion des bassins versants, celle des écosystèmes ou encore des risques pour la santé. Parallèlement, différentes écoles de pensée ont élaboré des théories et des cadres d'analyse des dynamiques et de la gestion des systèmes socio-écologiques.

L'objectif de ce projet est d'évaluer la pertinence et la complémentarité de ces cadres théoriques en les appliquant et en les testant sur les recherches empiriques réalisées à Montpellier dans les vingt dernières années. Cela valorisera ces recherches et donnera une vision claire du potentiel de ces cadres. Les enseignements tirés de ce projet serviront également de base à une nouvelle conceptualisation des systèmes socio-écologiques et de leur gestion.

Des chercheurs confirmés seront accueillis à Montpellier pour de courtes périodes (environ deux mois) dans le but d'interagir avec les différentes unités de recherche. Celles-ci sélectionneront plusieurs études de cas (en cours ou achevées) qui seront analysées du point de vue du chercheur invité. Les mêmes études de cas seront soumises à la réflexion de tous les chercheurs invités. Ainsi la pertinence, les forces, les faiblesses et les complémentarités des cadres théoriques proposés par les scientifiques invités pourront-elles être évaluées. Chaque étude de cas sera analysée suivant différents angles, ce qui fera progresser la compréhension des dynamiques et de la gestion du système socio-écologique considéré.

Financement total par Agropolis Fondation : 280 800 € (frais de déplacement pour des scientifiques Senior, coûts de publication)

Catégorie(s) de soutien : chercheur invité, soutiens divers (aide à l'organisation d'évènements scientifiques de haut niveau : colloques, séminaires, ateliers etc.)

Durée du projet : 01 février 2009 - 30 Septembre 2011

Mots clés : cadres théoriques – systèmes socio-écologiques

Année de l'AAP : 2008

Projet N° 0803-007

Titre : Vers une recherche fédérative sur les plateformes de modélisation et de simulation

Unités responsables du projet : GREEN (Gestion des Ressources renouvelables et environnement (CIRAD) et LISAH (Laboratoire d'étude sur les Interactions entre Sol, Agrosystème et Hydrosystème) (INRA, IRD, Montpellier SupAgro)

Porteurs de projet : Jean-Pierre Müller (GREEN, jean-pierre.muller(a)cirad.fr) et Jean-Christophe Fabre (LISAH)

A Unités de recherche du réseau scientifique d'Agropolis Fondation associés : AMAP, AGAP, GREEN, LISAH, SYSTEM, LAMETA

Sous-axes thématiques : BIP-1: Génétique et génomique, amélioration des plantes, écophysiologie, DSTI-1: Innovations agro-environnementales, agro-écosystèmes, gestion des ressources

Objectifs :

Dans le domaine de la simulation paysagère, environnementale et végétale, plusieurs plateformes logicielles ont été mises au point indépendamment par différentes équipes, avec différentes finalités. Le partage des méthodologies et/ou des outils utilisés a été limité. D'où :

- l'emploi de différents langages de programmation et, donc, la nécessité de trouver le moyen de regrouper les modèles à l'aide d'un langage indépendant, ou du moins de définir des structures interopérables;
- l'absence d'entente bien que chaque plateforme fournisse un intergiciel pour coordonner les modules sur (1) ce dont l'intergiciel est chargé (flux d'informations, structures spatio-temporelles, ordonnancements cohérents, etc.) et (2) ce qui doit être spécifié dans les composants (intrants/produits, événements, méta-information).

Ce projet se propose d'inventorier ces plateformes et de réaliser une première analyse des solutions existantes pour développer une synergie entre ces projets. Il s'agira également d'analyser leur complémentarité et leur interopérabilité, en comparant leurs points faibles et leurs points forts, et de trouver le moyen de partager les éléments qu'elles ont en commun pour améliorer leur développement.

Financement total par Agropolis Fondation : 25 637 € (salaire d'un ingénieur, frais de déplacement)

Catégorie(s) de soutien : plateforme scientifique, soutiens divers (aide à l'organisation d'événements scientifiques de haut niveau : colloques, séminaires, ateliers etc.)

Durée du projet : 1^{er} novembre 2008 – 31 décembre 2010

Mots clés : modélisation – simulation – plateforme – paysage - logiciel

Année de l'AAP : 2008

Projet N° 0803-008

Titre : Séminaire d'Agropolis sur les plantes numériques

Unités responsables du projet : AGAP (Amélioration génétique et adaptation des Plantes) (CIRAD, INRA, SupAgro), LEPSE (Laboratoire d'Ecophysiologie des Plantes sous Stress Environnementaux) (INRA, Montpellier SupAgro), DIADE (Diversité, Adaptation et développement des Plantes) (IRD, UMII)

Porteurs de projet : Yann Guédon (AGAP, guedon(a)cirad.fr), Christine Granier (LEPSE), Laurent Laplace (DIADE)

Sous-axes thématiques : BIP-1: Génétique et génomique, amélioration des plantes, écophysiologie, BIP-2: Maladies et ravageurs des plantes, protection intégrée des cultures, écologie des populations, DSTI-1: Innovations agro-environnementales, agro-écosystèmes, gestion des ressources, DSTI-3: Processus d'innovation, gestion sociale de l'innovation

Objectifs :

Beaucoup de chercheurs de différentes disciplines (biologie, informatique, mathématiques appliquées) participent à l'élaboration des modèles et des méthodes mathématiques appliqués à la structure des végétaux et à leurs fonctions. Ces chercheurs sont dispersés dans différentes unités de recherche à Montpellier et ne sont pas toujours bien reliés aux communautés scientifiques de l'informatique et des mathématiques appliquées. Des séminaires internes existent déjà dans les unités de recherche, ainsi que des séminaires dédiés aux disciplines scientifiques bien définies, à Montpellier (dans différents domaines de la biologie végétale, des statistiques appliquées et de l'informatique), mais un séminaire pluridisciplinaire consacré à la modélisation des structures et des fonctions végétales fait défaut.

Ce projet vise à organiser un séminaire mensuel ainsi qu'un atelier annuel d'une journée à Agropolis. Cet atelier sera consacré chaque année à un thème spécifique et des intervenants-clés seront invités. Le but est de faire de cet atelier un événement scientifique national. Toutes les échelles, de la cellule et du tissu jusqu'à la plante entière, seront considérées. Un équilibre sera assuré entre des exposés dédiés aux échelles inférieures à l'organe et d'autres traitants des échelles macroscopiques.

Tous les types de plantes seront abordés (plantes tropicales, méditerranéennes et tempérées, plantes modèles, plantes annuelles, arbres fruitiers et forestiers). Le séminaire ne portera pas seulement sur les modèles de structures et de fonctions végétales de différentes natures, mais aussi sur les outils mathématiques et informatiques destinés à l'analyse des structures végétales numérisées, ainsi que sur l'intégration d'outils et de modèles hétérogènes dans les plateformes informatiques.

Un site Internet sera créé pour ce séminaire. De préférence hébergé par Agropolis, il contiendra le programme du séminaire, les résumés des exposés passés et à venir ainsi que des liens vers les pages personnelles des intervenants ou encore l'annonce de l'atelier annuel.

Financement total par Agropolis Fondation : 31 200 € (ateliers, invitations des conférenciers)

Catégorie(s) de soutien : soutiens divers (aide à l'organisation d'évènements scientifiques de haut niveau : colloques, séminaires, ateliers etc.)

Durée du projet : 1^{er} janvier 2009 – 31 décembre 2011

Mots clés : plante – informatique – séminaire

Année de l'AAP : 2008

Projet N° 0803-012

Titre : Modélisation et optimisation de la bioconversion de matière première végétale en milieu non homogène

Unités responsables du projet : IATE (Ingénierie des Agropolymères et Technologies Emergentes) (CIRAD, INRA, Montpellier SupAgro, UMII), UMR ASB (Analyse des Systèmes et Biométrie) (INRA, Montpellier SupAgro), EPI MERE (INRA, INRIA)

Porteurs de projet : Eric Dubreucq (IATE, eric.dubreucq(a)supagro.inra.fr), Jérôme Harmand (jerome.harmand(a)supagro.inra.fr), Alain Rapaport (ASB et EPI MERE, rapaport(a)supagro.inra.fr)

Pays associés au projet : Canada, Tunisie

Sous-axes thématiques : DSTI-2: Innovations agro-alimentaires, valorisation alimentaire et non alimentaire des productions végétales

Objectifs :

La bioconversion de matière première végétale consiste à utiliser des microorganismes ou des enzymes pour réaliser une réaction qui serait plus coûteuse ou infaisable de manière non biologique (un parfait exemple est l'hydrolyse enzymatique qui consiste à mélanger du panic érigé et des enzymes soigneusement sélectionnées, qui convertissent la matière cellulosique en sucres destinés à être fermentés pour produire de l'éthanol). Dans le contexte industriel de la « chimie verte », ces réactions sont élaborées et pilotées dans des « bioréacteurs ». D'un point de vue économique, il semble que l'utilisation de très grandes cuves remplies de concentrations élevées de substrat soit la méthode la plus efficace. Néanmoins, si l'on prend en compte les effets spatiaux, la gestion de l'ensemble du processus est délicate.

L'objectif de ce projet est d'étudier l'effet de la structuration spatiale sur la dynamique des réactions biocatalysées dans des réacteurs non homogènes suivant une modélisation à complexité réduite. Cette problématique d'ordre générique (comprenant les systèmes de réaction naturels et industriels) sera abordée dans un premier temps par l'étude d'un système modèle. Ce système sera observé lors d'une réaction provoquée par catalyse enzymatique dans des bioréacteurs à agitation mécanique multi-alimentés, connectés en série, dans le cadre de phénomènes non homogènes simulés.

Financement total par Agropolis Fondation : 121 380 € (salaire pour un post-doctorant, frais de déplacement, participation à un congrès, frais de fonctionnement)

Catégorie(s) de soutien : chercheur invité, allocation post-doctorale

Durée du projet : 1^{er} décembre 2008 – 31 janvier 2011

Mots clés : bioconversion – biotransformation – bioréacteurs – modélisation – chimie verte

Année de l'AAP : 2008

Projet N° 0803-013 Achevé

Titre : Développer un cadre statistique d'analyse des interactions génotype-environnement dans des études d'association
--

Unités responsables du projet : DIADE (Diversité, Adaptation et développement des Plantes) (IRD, UMII), Institut de Diversité Génomique, Université de Cornell, USA

Porteurs de projet : Yves Vigouroux (yves.vigouroux(a)mpl.ird.fr), Anne-Céline Thuillet (DIADE) et Edward Buckler (Université de Cornell)

Pays associés au projet : USA

Sous-axes thématiques : BIP-1: Génétique et génomique, amélioration des plantes, écophysiologie

Objectifs :

Au cours des cinq dernières années, de nouvelles méthodologies prometteuses sont apparues afin d'identifier les gènes importants pour l'adaptation des plantes : 1) des méthodes d'identification de la signature d'événements de sélection pour un grand nombre de marqueurs et de gènes ; 2) la détection d'associations entre la variation phénotypique et le polymorphisme génétique dans des populations structurées, ce qu'on appelle les études d'association.

Les études d'association offrent de nouvelles possibilités d'évaluation du rôle d'un gène particulier dans un phénotype. Par rapport aux analyses LCQ, qui travaillent sur la descendance de deux parents connus, ces études ont l'avantage de prendre en compte une plus grande diversité et de s'appuyer sur un matériau beaucoup plus recombiné. Le laboratoire DIAPC participe à une analyse d'association sur le mil (*Pennisetum glaucum* L.) destinée à étudier la base génétique des différences de temps de floraison entre variétés. La stratégie s'appuie sur l'observation de la variabilité de la floraison dans le temps, d'une part, et du polymorphisme existant sur les gènes candidats, d'autre part. La recherche d'associations entre les variabilités phénotypique et génétique nécessite des modèles statistiques appropriés. L'état actuel du dispositif statistique correspondant permet de prendre en compte la structure de la population et l'existence d'une parenté en son sein. À ce jour, les termes d'interaction du modèle ne sont pas pris en considération. Néanmoins, des interactions génotype x environnement et/ou structure/parenté x environnement peuvent exister et interférer avec notre capacité à détecter les associations génotype-phénotype. En outre, ignorer ces interactions limite notre compréhension de l'expression de traits complexes.

La recherche proposée permettra d'évaluer la possibilité et/ou les limites de la détection d'interactions génotype x environnement dans des populations génétiquement structurées.

Actions menées et résultats obtenus :

Dans le cadre de ce projet, nous avons développé et évalué un modèle statistique visant à détecter des associations entre génotype et phénotype. Ce modèle est basé sur un modèle mixte d'association génotype/phénotype prenant en compte la structure des populations et l'apparentement des individus. L'originalité de ce projet est d'étendre ce modèle en prenant en compte l'interaction entre le génotype et l'environnement. Nous avons tout d'abord cherché à évaluer la capacité du modèle statistique à détecter un effet d'interaction. Pour cela, nous avons simulé des jeux de données dans lesquels des interactions entre gène (SNP) et environnement sont présentes. Puis nous avons analysé ces jeux de données à l'aide de notre modèle statistique. Cette analyse permet d'identifier les conditions dans lesquelles ces effets d'interaction gène et environnement sont détectables. Enfin, dans un deuxième temps, nous avons appliqué ces modèles à des jeux de données génétiques réelles aussi bien chez le mil que chez le maïs et mis en évidence l'effet de l'interaction de SNP avec l'environnement sur certains gènes de floraison.

Perspectives :

La compréhension de la relation entre génotype et phénotype est centrale dans de nombreuses problématiques comme comprendre le déterminisme des maladies chez l'homme ou permettre des développements de variétés améliorées. L'intégration de données environnementales dans les modèles statistiques ainsi que des interactions entre gènes est nécessaire au développement de modèles prédictifs des phénotypes à partir des données génétiques. Un des défis de ces approches est de se confronter à des jeux de données de plus en plus importants. Une des perspectives est de réfléchir à l'intégration de données à l'échelle du génome pour ces études.

Financement total par Agropolis Fondation : 6 240 € (frais de déplacement pour un doctorant)

Catégorie(s) de soutien : soutiens divers (soutien pour le financement de déplacements de doctorants et de post-doctorants à l'étranger)

Durée du projet : 15 janvier 2009 – 31 décembre 2009

Mots clés : statistiques – génotypes – environnement – études d'association

Année de l'AAP : 2008

Projet N° 0803-017

Titre : OpenAlea : plateforme logicielle ouverte pour la modélisation des plantes à différentes échelles

Unités responsables du projet : AGAP (Amélioration génétique et adaptation des Plantes) (CIRAD, INRA, SupAgro), LEPSE (Laboratoire d'Ecophysiologie des Plantes sous Stress Environnementaux) (INRA, Montpellier SupAgro)

Porteurs de projet : Christophe Gaudin, AGAP, EPI PLANTES VIRTUELLES INRIA, christophe.gaudin(a)inria.fr, Christophe Pradal, AGAP, christophe.pradal(a)inria.fr, Christian Fournier LEPSE christian.fournier(a)supagro.inra.fr

Pays associés au projet : Canada, Allemagne, Pays-Bas, USA

Unités de recherche du réseau scientifique d'Agropolis Fondation associés : PSH

Sous-axes thématiques : BIP-1 : Génétique et génomique, amélioration des plantes, écophysiologie, BIP-2: Maladies et ravageurs des plantes, protection intégrée des cultures, écologie des populations

Objectifs :

Les modèles végétaux fonctionnels et structuraux visent à simuler les processus biologiques impliqués dans le fonctionnement et le développement des plantes. Il convient d'utiliser ou de combiner efficacement les modèles ou les méthodes informatiques de différents domaines scientifiques afin d'analyser, de simuler et de comprendre des processus végétaux complexes, à différentes échelles. En raison des différences de contraintes et de formation des équipes, ces modèles sont élaborés en utilisant différents langages de programmation, avec différents degrés de modularité et d'interopérabilité. Pour renforcer l'interaction entre ces modèles, il est indispensable qu'ils soient réutilisables et comparables sur des ensembles de données identiques et dans des cadres informatiques efficaces et flexibles.

Le projet de plateforme logicielle ouverte OpenAlea vise à fournir aux modélisateurs un environnement facile d'utilisation par le biais d'une interface de programmation visuelle permettant d'utiliser et de combiner efficacement les modèles ou les méthodes informatiques de différents domaines scientifiques. Ceci permettra de représenter, d'analyser et de simuler des systèmes végétaux complexes à différentes échelles, des méristèmes à la canopée, et de comprendre les processus intervenant dans ces systèmes ou entre les plantes et leur environnement. Les données et les outils nécessaires à l'analyse, à la modélisation et à la simulation des plantes seront ainsi mis à la disposition des chercheurs par le biais d'une plateforme logicielle intégrée. Ce type d'environnement logiciel est destiné non seulement aux développeurs et aux informaticiens, mais aussi aux biologistes, qui pourront ainsi assembler des modèles tout en minimisant les efforts de programmation.

Financement total par Agropolis Fondation : 198 002 € (salaire d'un ingénieur, achat d'ordinateurs, ateliers)

Catégorie(s) de soutien : plateforme scientifique

Durée du projet : 1^{er} janvier 2009 – 31 juillet 2012

Mots clés : plateforme – modélisation des plantes – simulation – développement des plantes

Année de l'AAP : 2008

Projet N° 0803-021 Achevé

Titre : Modélisation intégrative pour la compréhension et la gestion à l'échelle du paysage des écosystèmes soumis à l'influence humaine

Unités responsables du projet : LISAH (Laboratoire d'étude sur les Interactions entre Sol, Agrosystème et Hydrosystème) (INRA, IRD, Montpellier SupAgro) et AMAP (Botanique et bioinformatique de l'architecture des plantes) (CIRAD, CNRS, INRA, IRD, UMII)

Porteurs de projet : Xavier Louchart (LISAH) (louchart(a)supagro.inra.fr) et Marc Jaeger (AMAP et EPI Digiplante INRIA) (marc.jaeger(a)cirad.fr)

Unités de recherche du réseau scientifique d'Agropolis Fondation associés : GREEN, SYSTEM, LAMETA

Sous-axes thématiques : BIP-1: Génétique et génomique, amélioration des plantes, écophysiologie, DSTI-1: Innovations agro-environnementales, agro-écosystèmes, gestion des ressources, DSTI-3: Processus d'innovation, gestion sociale de l'innovation

Objectifs :

Il existe un grand manque de plateformes scientifiques de modélisation intégrative du paysage ludiques et faciles d'utilisation, qui permettent aux chercheurs ou aux différents acteurs de tester leurs idées d'aménagement paysager à l'aune d'objectifs économiques, écologiques et environnementaux. Le développement de plateformes de ce type nécessite de regrouper les connaissances de plusieurs disciplines pour offrir des solutions efficaces aux problèmes du monde réel. Quelques travaux interdisciplinaires ont déjà été menés en ce sens. Ils consistent généralement à regrouper des considérations sociales, économiques et écologiques à des fins de développement durable. Il semble pourtant qu'aucune étude n'ait été consacrée à une approche intégrative du paysage incluant des processus biophysiques, écologiques et socio-économiques.

L'un des principaux obstacles à la discussion de concepts au sein de projets interdisciplinaires ou transdisciplinaires est le manque de compréhension mutuelle. La notion d'ontologie en informatique est de plus en plus mise en avant pour représenter les connaissances d'un domaine et pour faciliter leur intégration pluridisciplinaire, mais peu de travaux ont été entrepris à ce sujet.

Ce projet entend aborder la modélisation intégrative des écosystèmes et du paysage en étudiant tout d'abord l'état des connaissances dans les différentes disciplines concernées et en analysant au préalable les principaux écarts conceptuels éventuels. Dans la plupart des projets de modélisation intégrative du paysage, l'approche consiste à étendre un modèle existant dans un domaine scientifique donné en l'associant à des modèles d'autres domaines, ou à associer de manière plus souple plusieurs modèles existants pour obtenir un modèle intégratif. Dans les deux cas, les structures de modélisation développées manquent souvent de généralité et/ou de capacité à représenter avec exactitude les principales interactions pluridisciplinaires entre processus. En évaluant en profondeur, en amont du développement du modèle et de la plateforme, les écarts conceptuels entre disciplines et les besoins liés à la conception de la plateforme, nous espérons surmonter les problèmes qui viennent d'être décrits et dégager les caractéristiques souhaitables pour une plateforme générale et partagée.

Ce travail permettra de définir la base conceptuelle nécessaire à une approche intégrative et interdisciplinaire (socio-économie, agronomie, biologie, écologie, hydrologie, etc.), afin de développer plus avant une plateforme de modélisation des « écosystèmes et paysages soumis à l'influence humaine ».

Actions menées et résultats obtenus :

Les scientifiques et les acteurs d'environnement et de l'aménagement du territoire ont besoin d'outils pour tester leurs idées et hypothèses de gestion du paysage et des écosystèmes à la lumière des contraintes économiques, écologiques et environnementales. Pour cela, il est nécessaire de développer des plates-formes de modélisation intégrée du paysage, qui soient à la fois pertinentes d'un point de vue scientifique et faciles à utiliser. La mise au point de telles plates-formes passe par l'intégration de différentes disciplines, permettant de fournir des solutions efficaces à des problèmes concrets. Dans cet objectif, deux projets ont été proposés dans le cadre du réseau thématique de recherche avancée « agronomie et développement durable » financé par la Fondation Agropolis. Les deux projets s'intitulent respectivement « Modélisation intégrative du paysage et de l'écosystème » et « Vers une approche de recherche fédérative pour les plates-formes de modélisation et de simulation ».

Leur objectif était de rassembler différentes équipes de recherche, chacune ayant développé, dans un but précis, sa propre plate-forme de simulation des structures et du fonctionnement du paysage. Le défi consiste à créer un lien entre ces différents modèles, au sein d'un cadre de modélisation conceptuel général et générique, de façon à prendre en compte les principales interactions biologiques, physiques, géographiques et socio-économiques intervenant au sein du fonctionnement d'un paysage. Ces projets constituaient une première étape pour l'ensemble des partenaires, visant à partager leurs expériences dans leur discipline (écologie, hydrologie, agronomie, socio-économie) et à définir la possibilité et les contours d'une éventuelle plate-forme de modélisation intégrée.

Les deux projets ont été menés en étroite collaboration, le premier se concentrant sur les questions liées aux différentes thématiques de recherche et le second se concentrant sur les aspects technique et méthodologiques. En conséquence, les résultats des deux projets sont présentés de façon conjointe.

Les projets ont débuté en avril 2009 et se sont achevés en décembre 2010. Au cours du déroulement des projets, trois ateliers thématiques ont été mis en place, impliquant au total près de 50 membres des unités participantes au sein du RTRA. Une conférence internationale sur la modélisation intégrée des paysages a également été organisée, dotée d'un comité scientifique de renommée internationale. La rencontre a rassemblé plus de cent participants venus du monde entier. Au cours de la conférence, cinquante-deux scientifiques ont eu l'occasion de présenter leurs travaux en cours, tandis que trois tables-rondes ont nourri les réflexions et les échanges au sein de la communauté scientifique sur des points critiques de la modélisation et de la simulation des paysages, une science émergente. Au total, les projets ont permis d'inviter 16 scientifiques pour exposer leurs travaux et nourrir le débat.

Après relecture par un panel d'experts, 37 communications ont été publiées dans les actes de la conférence (www.symposcience.org). Un site Internet a été mis en place, capitalisant l'ensemble des échanges et des discussions ayant eu lieu dans le cadre des projets (<http://www.umr-lisah.fr/rtra-projects/>). Un état de l'art de la modélisation intégrée des paysages a été rédigé, se basant sur la bibliographie la plus récente et sur les réflexions menées dans le cadre des projets.

Les projets ont permis de renforcer les liens au sein de la communauté scientifique montpelliéraine, mais aussi avec la communauté scientifique nationale (réseau METISSE, réseau national des systèmes complexes – RNSC) et internationale (Global Land Project). Les résultats des projets ont été valorisés à travers différentes publications et communications au niveau local, national et international. Enfin, les projets ont favorisé l'émergence de projets de recherche en collaboration à différents niveaux.

Articles

Farolfi S., Müller J.P., Bonte B.. 2010. An iterative construction of multi-agent models to represent water supply and demand dynamics at the catchment level. *Environmental modelling and software*, 25 (10) : 1130-1148.

Gumiere, S., Raclot, D., Cheviron, B., Davy, G., Louchart, X., Fabre, J. C. & LeBissonais, Y., 2010. MHYDAS-Erosion a distributed single-storm water erosion model for agricultural catchment. *Hydrological Processes*, <http://dx.doi.org/10.1002/hyp.7931>.

Lagacherie, P., Rabotin, M., Colin, F., Moussa, R. & Voltz, M. Geo-MHYDAS: A landscape discretization tool for distributed hydrological modeling of cultivated areas. Computers & Geosciences, August. 2010, 36, 1021-1032.

Financement total par Agropolis Fondation : 60 125 € (salaire pour un ingénieur, frais de déplacement, organisation de trois ateliers internationaux et d'un atelier interne)

Catégorie(s) de soutien : soutiens divers (aide à l'organisation d'évènements scientifiques de haut niveau : colloques, séminaires, ateliers etc.)

Durée du projet : 1^{er} novembre 2008 – 07 avril 2011

Mots clés : écosystèmes – paysage – modélisation – plateforme

Année de l'AAP : 2008

Projet N° 0803-022

Titre : Modélisation de la signalisation électrique chez les plantes en relation avec la polarisation du développement et de la morphogénèse, et avec la réponse adaptative aux stress (ELEXIGNAL)

Unités responsables du projet : BPMP (Biochimie et Physiologie Moléculaire des Plantes) (CIRAD, INRA, Montpellier SupAgro, UMII) et Université d'Ottawa

Porteurs de projet : Jean-Baptiste Thibaud (BPMP) (thibaud(a)supagro.inra.fr), Anne-Gaëlle Rolland-Lagan (Department of computer sciences, Université d'Ottawa)(arolland@uottawa.ca)

Pays associés au projet : Canada, Allemagne

Sous-axes thématiques : BIP-1: Génétique et génomique, amélioration des plantes, écophysiologie, BIP-2: Maladies et ravageurs des plantes, protection intégrée des cultures, écologie des populations

Objectifs :

Les systèmes de transport ionique chez les plantes sont bien étudiés en ce qui concerne leur rôle dans la nutrition et l'homéostasie minérales. Cependant, le transport ionique à travers les membranes cellulaires dépend intrinsèquement du potentiel de membrane et, par conséquent, contribue véritablement à l'état d'équilibre et aux changements transitoires du potentiel de membrane. La signalisation électrique, qui est généralement étudiée chez les animaux (surtout sur les cellules excitables), n'est pas étrangère aux plantes. Les signaux électriques existent aux niveaux cellulaire et tissulaire de la plante et peuvent même s'étendre à toute la plante, passant d'un organe à l'autre, et participer ainsi à la signalisation du stress. D'après les observations, les champs électriques des tissus végétaux, en relation avec l'activité des systèmes de transport ionique et la propagation des signaux électriques, seraient également impliqués dans le contrôle de la polarisation de la croissance, du développement et de la morphogénèse. Les fondements moléculaires de ces aspects particuliers de la physiologie végétale sont toutefois encore mal connus.

Un nombre croissant de systèmes de transport ionique ont été identifiés chez les plantes au niveau moléculaire, et leurs caractéristiques biophysiques individuelles ont été décrites en détail. Plus particulièrement, un certain nombre de canaux ioniques voltage-dépendants et d'autres systèmes de transport ionique ont été identifiés dans les cellules végétales et présentent des analogies avec les canaux responsables de la signalisation électrique dans les cellules animales excitables. Il est aujourd'hui important de collecter des données quantitatives sur le transport ionique et la signalisation électrique pour élaborer des modèles de simulation du contrôle du potentiel de membrane cellulaire.

Ce projet vise à :

- mettre en œuvre et valider un modèle mathématique pour intégrer, aux échelles cellulaire et tissulaire de la plante, les contributions individuelles des systèmes de transport ionique à l'état d'équilibre et aux changements transitoires du potentiel de membrane
- explorer, décrire et démontrer le rôle des signaux électriques dans la polarisation du développement et la morphogénèse et dans la signalisation du stress chez les plantes (notamment les stress hydriques et biotiques).

Financement total par Agropolis Fondation : 266 760 € (salaire pour un scientifique Junior pendant trois ans, frais de déplacement, frais de fonctionnement)

Catégorie(s) de soutien : Chaire Junior

Durée du projet : 1^{er} janvier 2009 – 30 juin 2012

Mots clés : signal électrique – modèle informatique – développement – morphogenèse – stress – canaux ioniques

Année de l'AAP : 2008

Projet N° 0803-024 Achevé

Titre : Développement d'une boîte à outils pour la modélisation et la simulation de rétroactions entre la croissance et la biomécanique végétales

Unités responsables du projet : AMAP (Botanique et bioinformatique de l'architecture des plantes) (CIRAD, CNRS, INRA, IRD, UMII) et LMGC (CNRS, Laboratoire de Mécanique et Génie Civil)

Porteurs de projet : Thierry Fourcaud (AMAP) (Thierry.fourcaud(a)cirad.fr), Tancrede Almeras (LMGC) (almeras(a)hotmail.com)

Pays associés au projet : Chine, Royaume-Uni

Sous-axes thématiques : BIP-1: Génétique et génomique, amélioration des plantes, écophysologie

Objectifs :

La réponse des plantes au stress mécanique est d'un intérêt majeur pour de nombreux domaines de recherche. Bien que beaucoup d'études expérimentales aient déjà été consacrées à ce phénomène, les mécanismes physiologiques qui le sous-tendent sont encore mal compris. Ce projet souhaite développer une bibliothèque d'outils biomécaniques sur la simulation des processus de rétroaction entre la croissance de la plante et son état mécanique à l'échelle individuelle.

Cette bibliothèque sera développée en langage Java (compatible avec les modèles de croissance actuels et les plateformes développées dans d'autres projets), en s'appuyant sur les travaux antérieurs des équipes participantes. Elle sera conçue de manière à restituer facilement les interactions avec des simulateurs de la croissance végétale via :

- l'extraction fractionnée de l'information structurelle ;
- la modification pas à pas des paramètres de croissance (par ex. déformations de maturation, probabilités de ramification, puits d'assimilats, règles allométriques) au regard de l'état mécanique de la plante.

Le modèle biomécanique s'appuiera sur la théorie des poutres et sur une solution de dérivation issue de la méthode des éléments finis. La boîte à outils sera répartie en plusieurs modules indépendants (maillage, section de poutre, propriétés des matériaux, pré-stress biomécanique des plantes ligneuses, assemblage de la matrice de rigidité, assemblage de la matrice de force, résolution de systèmes linéaires et non linéaires pour problèmes statiques et dynamiques, sorties de type champ et historique, gestionnaire de sorties champ cumulées, connexions avec les paramètres de croissance des plantes), qui pourront être développés séparément par des personnes différentes.

Actions menées et résultats obtenus :

Le projet s'est déroulé en 4 étapes principales :

1- définition de la structure informatique de la librairie: il s'agissait principalement de distinguer les différents modules de base (définition des matériaux, propriétés géométriques des sections de poutres, maillage, chargements, échancier des charges appliquées, solveur, post-processeur graphique) et les structures de données associées (représentation de la topologie, liste de contraintes appliquées, liste d'évènements, liens fonctionnels entre les différentes modules);

2- implémentation de la librairie sous la plateforme de calcul numérique Scilab, tests d'évaluation et couplage avec le simulateur de croissance GreenScilab

(<http://liama.ia.ac.cn/wiki/projects:greenscilab:home>). La boîte à outil Scilab est opérationnelle et permet de simuler la flexion de tiges en croissance et de calculer le champ de contrainte mécanique dans le bois (cf rapport de stage de Mlle Yang Ming, Ecole Centrale de Pékin), grâce à l'implémentation de la méthode des matrices de transfert. Elle a été utilisée pour évaluer les risques de casse au vent d'arbres en peuplement en fonction de leur allométrie. Ce travail a été mené en partenariat avec le Département des sciences du bois et de la forêt, Faculté de foresterie, de géographie et de géomatique, Université Laval, Québec, Canada;

3- développement de la librairie en Java et d'un simulateur "stand alone" avec une interface graphique utilisateur propre (voir rapport de Guillaume Surroca et Benjamin Train, et site de développement <http://amap-dev.cirad.fr/projects/plantbiom/wiki>).

4- interfaçage avec le logiciel de représentation de l'architecture des plantes Xplo (<http://amap-dev.cirad.fr/wiki/xplo>) via la structure de donnée Architree. Ce travail est encore en cours dans le cadre d'un TER M1 d'informatique, UM2. Parallèlement, la librairie PlantBioM a été traduite en C et implémentée sous la plateforme de simulation de la croissance des plantes Qing Yuan, développée par les partenaires du LIAMA à Pékin (cf accueil de Dr Mengzhen Kang et stage de Mr HaoYu Wang).

Un travail de modélisation a été mené en amont de ces travaux de développement informatique, dans le cadre de la thèse de Thomas Guillon. Ce travail a permis de définir un nouveau cadre théorique permettant de calculer explicitement la réponse mécanique d'une poutre en croissance en définissant une configuration de référence virtuelle. Il a fait l'objet d'un article soumis à la revue "Biomechanics and Modeling in Mechanobiology".

Perspectives :

Le projet PlantBioM se poursuit en particulier dans le cadre d'un stage de TER M1 Informatique qui vise à réaliser l'intégration de la librairie dans le logiciel Xplo.

Les perspectives à court et moyen terme sont:

- faire évoluer le solveur de PlantBioM en intégrant les travaux de modélisation et de calcul scientifique de Thomas Guillon. Ce dernier a déjà développé et testé un algorithme de résolution des équations de la biomécanique en Java;
- fournir un outil de formation et d'expertise pour la gestion des arbres urbains, sur les bases du logiciel Xplo-PlantBioM. Cet outil permettra de tester l'impact de différents types d'intervention (élagage, haubanage, etc.) sur le facteur de sécurité mécanique des arbres.
- le point ci-dessus devrait également faire l'objet d'une collaboration avec le METLA (Finlande) et l'université de Göttingen (Allemagne). Un projet de thèse est en cours de rédaction et devrait être soumis en 2011 dans le cadre d'un projet Européen ITN porté par l'INRA sur les Plantes Virtuelles.
- la boîte à outils PlantBioM sera utilisée dans le cadre de recherches en partenariats avec le LIAMA en Chine si le projet cPlant (INCO-LAB UE) soumis début 2011 est accepté. Ces recherches concernent la modélisation de la plasticité architecturale des plantes et en particulier des rétroactions dynamiques entre flexion des tiges et mise en place de la ramification.

Financement total par Agropolis Fondation : 21 330 € (frais de déplacement)

Catégorie(s) de soutien : soutiens divers (soutiens à des projets exploratoires, risqués et innovants)

Durée du projet : 1^{er} Novembre 2008 - 31 décembre 2009

Mots clés : modélisation – simulation – plante – biomécanique – croissance

Année de l'AAP : 2008

Projet N° 0803-027

Titre : Fruit virtuel en 3D : application au contrôle de la croissance et de la qualité des fruits

Unités responsables du projet : PSH (Plantes et Systèmes de culture Horticoles)(INRA), INRIA

Porteurs de projet : Nadia Bertin (PSH) (nadia.bertin@avignon.inra.fr) et Christophe Godin (EPI Virtual Plant INRIA) (christophe.godin(a)inria.fr)

Pays associé au projet : Pologne

Sous-axes thématiques : BIP-1: Génétique et génomique, amélioration des plantes, écophysiologie

Objectifs :

L'apparence (taille, forme et couleur), le goût (déterminé principalement par la teneur en sucres et en acides) et la texture sont les principaux critères d'évaluation de la qualité d'un fruit frais. La composition et la taille d'un fruit dépendent de la division cellulaire, de l'expansion cellulaire (subordonnée à la turgescence des cellules et aux propriétés des parois cellulaires) ainsi que de l'accumulation et de la répartition de l'eau et du carbone, certains de ces processus étant déjà décrits dans des modèles écophysiologiques. La texture, pour laquelle aucun modèle n'existe, dépend des propriétés rhéologiques des tissus qui sont liées à leurs unités structurales (cellules, parois cellulaires et vaisseaux conducteurs notamment). Malgré l'identification et la modélisation de nombreux processus individuels, le contrôle de la qualité dans son ensemble reste faible, car il est lié à l'interaction de divers processus physiologiques organisés dans l'espace et dans le temps au cours du développement du fruit. Cette organisation n'est pas décrite, ou seulement partiellement, par les modèles de fruit actuels, et les couplages entre les différentes échelles décrites chez le fruit sont insuffisantes.

Ce projet s'attachera à rassembler les compétences de modélisateurs, de physiciens et d'écophysiologistes pour créer un modèle spatio-temporel décrivant les lois physiques et biologiques impliquées dans la différenciation tissulaire et la croissance cellulaire, en relation avec la compartimentation et la croissance du fruit, ainsi que plusieurs critères de qualité (taille, composition et texture notamment). Les techniques de résonance magnétique nucléaire (RMN) et d'imagerie par résonance magnétique (IRM) seront employées pour valider *in vivo* le modèle obtenu par des mesures non invasives.

Ce modèle en 3D représentera la compartimentation en tissus différenciés et l'organisation cellulaire des principaux tissus du fruit. Un tel modèle sera un outil puissant pour analyser et comprendre les interactions complexes aux niveaux des cellules, des tissus et du fruit, en associant différents niveaux de contrôle et en particulier en décrivant les contraintes mécaniques associées au développement des différents tissus et à la division et à l'expansion cellulaires dans un tissu donné. Ultérieurement, l'intégration d'autres processus ou signaux permettra de décrire précisément le fonctionnement des fruits. Cette nouvelle approche pluridisciplinaire de la modélisation du fruit devrait fournir de nouvelles hypothèses pour mieux comprendre et gérer la qualité des fruits avec des méthodes inédites d'évaluation *in vivo*.

Financement total par Agropolis Fondation : 218 141 € (allocation post-doctorale, frais de déplacement, équipement, frais de fonctionnement)

Catégorie(s) de soutien : Allocation post-doctorale

Durée du projet : 1^{er} janvier 2009 – 30 avril 2012

Mots clés : fruit virtuel – qualité des fruits – croissance des fruits - modélisation