

BIOLOGIE VÉGÉTALE INTÉGRATIVE

Président de la section

Jacques JOYARD

Membres de la section

Steven BALL

Marc BERGDOLL

Jeremy Mark COCK

Vincent COLOT

Laurence DROUARD

Geneviève EPHRITIKHINE

Marie-Thérèse ESQUERRE-TUGAYE

Dominique EXPERT

Nathalie GLAB

Véronique GOMORD

Jean-Paul JAVERZAT

Sylviane LIOTENBERG

Jacques MILLET

Sébastien MONGRAND

Alain PUPPO

Cécilia RAMIREZ

Fabrice RAPPAPORT

Dominique ROBY

Nicole SCHWEBEL

Hervé SENTENAC

Les principaux enjeux dans le domaine de la biologie végétale intégrative reposent sur certaines spécificités des modèles végétaux. Les végétaux, organismes fixés et photosynthétiques, ont intégré au cours de l'évolution dans leur fonctionnement les contraintes liées à l'environnement abiotique (lumière, humidité, température, etc.) et biotique (microorganismes, etc.) en mettant en place une grande diversité de stratégies métaboliques et développementales. L'idée même d'intégration en biologie végétale est donc consubstantielle de la discipline comme en témoignent l'intégration des mécanismes de défense des plantes face aux agents pathogènes et la mise en place de symbioses, comme celles qui permettent la fixation de l'azote atmosphérique.

Les végétaux ont par ailleurs des propriétés génétiques remarquables qui constituent un champ d'étude original, complémentaire et irréductible aux modèles animaux et microbiens, comme la totipotence cellulaire ou l'intégration de l'expression des trois génomes dans la cellule végétale, l'originalité et la complexité des cycles de vie, etc. Ainsi, la transgénése végétale a permis de mettre en évidence les phénomènes d'extinction génique qui se sont révélés fondamentaux dans la régulation de l'expression génétique chez les eucaryotes et sont à l'origine du mécanisme d'interférence ARN.

Enfin, les eucaryotes photosynthétiques présentent une très grande diversité phylogénétique avec divers groupes ayant évolué vers

une organisation multicellulaire de façon indépendante comme les plantes terrestres (classées parmi les Streptophytes), les algues rouges (Rhodophytes) et les algues brunes (lignée des Hétérokontes).

Le dernier rapport de conjoncture a détaillé les divers aspects de notre discipline qui nous paraissent devoir retenir l'attention en termes stratégiques pour le bon développement de la recherche végétale au CNRS. Deux des thèmes sont absolument transversaux en biologie et concernent d'une part la diversité des systèmes modèles et d'autre part la construction d'un phénotype. Le fonctionnement intégré de la plante dans son environnement sera illustré par quatre thèmes qui recourent les spécificités végétales d'intérêt général dans les sciences du vivant : Métabolisme, Transport et signalisation, Interactions Plantes-Microorganismes, Reproduction et Développement.

1 – LES MODÈLES EN BIOLOGIE VÉGÉTALE : DIVERSITÉ BIOLOGIQUE ET VISION ÉVOLUTIVE

Une question centrale dans notre discipline est celle du choix des modèles et de leur capacité à représenter l'ensemble des processus du monde végétal. L'importance des approches génétiques en *Sciences du Vivant* a conduit notre communauté scientifique à concentrer ses efforts sur *Arabidopsis thaliana*, organisme ayant un cycle de reproduction court, accessible à toutes les méthodologies de génétique classique et moléculaire, et dont le génome fut le premier génome de plante entièrement séquencé. Le développement explosif des connaissances qui s'en est suivi irrigue actuellement toute la biologie végétale. L'importance d'autres modèles végétaux doit cependant être soulignée car leur étude permet d'une part de prendre en compte la diversité biologique et d'autre part d'intégrer les

connaissances dans une vision évolutive indispensable à la compréhension du vivant.

Ainsi, la communauté scientifique travaillant sur les interactions Rhizobium-plante s'est attachée à promouvoir le modèle *Medicago truncatula*, une fabacée qui présente des avantages semblables à ceux d'*Arabidopsis* (facilité de culture et taille du génome), afin de pouvoir disséquer les mécanismes symbiotiques de fixation de l'azote. D'autre part, l'homologie structurale et fonctionnelle qui existe chez les plantes et les microorganismes photosynthétiques au niveau des systèmes de conversion de l'énergie lumineuse a conduit au développement de travaux originaux sur les cyanobactéries, les bactéries pourpres, les diatomées ainsi que sur l'algue verte unicellulaire *Chlamydomonas reinhardtii*. À côté des plantes supérieures et des micro-algues, des algues multicellulaires appartenant à des lignées évolutives distinctes des Streptophytes, les algues brunes et rouges sont des modèles émergents aujourd'hui, notamment la petite algue brune filamenteuse *Ectocarpus siliculosus*. Les compétences démontrées par les équipes étudiant le picophytoplancton ont conduit à l'isolement d'*Ostreococcus taurii* dont la séquence complète du génome a été obtenue par un consortium d'équipes françaises. Enfin, des laboratoires de la section 28 étudient quelques modèles de champignons filamenteux non pathogènes (en particulier *Podospora anserina*) et des bryophytes (*Physcomitrella patens*). Chez ces modèles, les créneaux thématiques choisis sont très originaux et focalisés sur des problèmes biologiques adaptés aux potentialités de l'organisme. Ils génèrent des connaissances de portée générale (inactivation des transgènes, recombinaison méiotique, régulation de l'expression génique, développement sexué, hérédité non conventionnelle).

Par ailleurs, les plantes cultivées sont des objets d'étude incontournables, bien que leur culture ne soit pas aisée sans infrastructure lourde. Pourtant le degré de sophistication atteint par la génétique du maïs n'a rien à envier à celle d'*Arabidopsis* ou de la drosophile. Le riz (dont le génome est 3 à 4 fois plus gros que celui d'*Arabidopsis*) est la pre-

mière monocotylédone et la deuxième plante dont la séquence du génome a été achevée. La génomique fonctionnelle se met désormais en place sur ces modèles et la génomique comparative des génomes végétaux disponibles (*Arabidopsis*, riz, *Ostreococcus*, *Chlamydomonas*, etc.) devrait s'avérer particulièrement éclairante dans le court et moyen terme.

En France, la recherche sur *Arabidopsis thaliana* et *Medicago truncatula* est bien représentée à la fois quantitativement et qualitativement, elle semble bien positionnée sur le riz ou le maïs. Les études portant sur les algues (macro et microalgues) et les autres modèles étudiés sont le fait d'un petit nombre de groupes souvent bien reconnus au plan international et occupant des créneaux particuliers. Il semble important, au-delà de la recherche sur les plantes supérieures et en particulier les plantes cultivées, de développer au moins un organisme modèle par grand groupe d'organismes photosynthétiques appartenant à des lignées distinctes.

Ainsi, la transposition de connaissances acquises sur une espèce particulière à un ensemble plus large d'espèces doit permettre d'identifier pour chacun des niveaux d'organisation étudiés la valeur générique ou au contraire la spécificité des connaissances produites. Quel que soit le modèle considéré, le passage de l'acquisition des données génomiques (achevée ou en cours pour la plupart des modèles cités) à leur exploitation pour générer des données fonctionnelles reste l'étape limitante. Il est bien sûr nécessaire de maintenir l'effort d'analyse génomique sur fonds publics, mais en même temps crucial de renforcer les capacités d'analyse post-génomique qui déboucheront sur la biologie et la physiologie intégrée des organismes. Il s'agit donc de se doter des outils, des concepts et des méthodes adéquats pour développer l'approche comparative qui doit permettre d'étudier l'expression des génotypes en une diversité de phénotypes (interactions génotype-environnement).

2 – DU GÉNOTYPE AU PHÉNOTYPE : LES INTERACTIONS GÉNOTYPE- ENVIRONNEMENT

Comment s'élabore un phénotype à partir d'un génotype? Quelle est la part de la variabilité phénotypique d'origine génétique? Quelle est l'importance, et quelles sont les bases génétiques des interactions génotype-milieu? Ces questions anciennes, centrales en biologie, et qui sous-tendent les pratiques de l'amélioration des plantes et de l'agronomie, peuvent aujourd'hui bénéficier de la connaissance de la séquence complète du génome de plantes modèles, et des outils associés de génomique fonctionnelle et de génétique quantitative.

Grâce aux efforts conjoints de l'INRA et du CNRS, en particulier dans le cadre de **Géno-plante**, la France occupe une bonne position dans la production, et la mise à disposition auprès de la communauté scientifique, de collections de ressources (banques de données génomiques et de séquences transcrites, banques de mutants et de lignées recombinantes) sur quelques espèces modèles. L'objectif est de faciliter la mise en œuvre d'approches de génomique fonctionnelles afin d'établir la fonction de la majorité des gènes d'*Arabidopsis*. Mais il ne faudrait pas que les efforts consentis depuis plus de 10 ans cessent de porter leurs fruits, en particulier face à des initiatives de l'importance du programme **Arabidopsis 2010** coordonné par la **NSF** aux États-Unis. La génération de nouvelles ressources et de nouveaux outils de génomique fonctionnelle sont des étapes clés dans lesquelles le CNRS doit s'investir en concertation avec d'autres organismes de recherche comme l'INRA ou le CIRAD. Malheureusement, l'évolution du programme GénoPlante et la finalisation de nombreux appels d'offres de l'ANR conduisent à une focalisation sur les plantes d'intérêt agronomique au détriment des espèces modèles que le CNRS doit être en mesure de soutenir.

Le principal obstacle dans la démarche visant à identifier les fonctions des gènes d'*Arabidopsis* réside dans la caractérisation du phénotype : l'insertion d'un ADN-T dans un gène n'induit une altération détectable que dans environ 5% des cas, la moitié correspondant à des embryons létaux. À cette difficulté d'associer une modification phénotypique d'ordre physiologique à une simple modification génétique s'ajoute la contribution de phénomènes dits épigénétiques qui contrôlent l'expression des gènes de façon stable au cours des divisions sans modifier leur séquence nucléotidique.

Les études pionnières réalisées chez les plantes et les champignons filamenteux ont largement contribué à illustrer la diversité des mécanismes mis en jeu au niveau transcriptionnel, post-transcriptionnel et au niveau de la protéine. Il est admis que les phénomènes d'inactivation épigénétique des gènes, révélés par la transgénése, reposent sur des processus de défense développés par les organismes pour maintenir l'intégrité de leur génome face à la présence de séquences d'ADN mobiles et pour combattre les pathogènes viraux. La compréhension des bases génétiques et moléculaires de l'inactivation des gènes et plus généralement de l'ensemble des mécanismes épigénétiques a un intérêt fondamental évident qui est renforcé par le fait que certains de ces mécanismes, comme l'interférence ARN, se sont révélés être des outils performants pour éteindre des gènes d'intérêt. Des équipes françaises travaillant sur les modèles végétaux ou les champignons sont en bonne place dans la compétition internationale dans ce domaine de recherche.

On comprend donc qu'il faut dépasser le cadre conceptuel trop simpliste un gène → une fonction et un mutant → un phénotype. Deux grandes orientations non exclusives peuvent être proposées. Tout d'abord, l'analyse des phénotypes devrait bénéficier d'une interaction, quasi inexistante actuellement, avec la communauté scientifique de la section 29. Les outils et concepts développés dans certains laboratoires de cette section seraient très utiles pour aider à raisonner le choix de caractères

phénotypiques pertinents, en prenant en compte le cas échéant les phénomènes de compétition, et les effets de sélection sur plusieurs générations. Parmi les outils qui commencent à voir le jour, il faut citer la mise en place (souvent par des équipes d'écophysiologistes) de plateformes automatisées pour réaliser du phénotypage systématique chez *Arabidopsis thaliana*. D'autre part, les études d'expression massives (transcriptome, protéome, métabolome) vont permettre une description intégrée et précise des réseaux génétiques et métaboliques affectés par le polymorphisme d'un gène donné, ou par la variation d'un facteur de milieu donné. La modélisation est ici indispensable pour comprendre la dynamique de ces systèmes, en identifier les propriétés émergentes, et donc appréhender les aspects moléculaires et biochimiques de la construction des phénotypes.

Nous nous retrouvons ainsi confrontés à deux des enjeux majeurs de la biologie intégrative. D'une part il s'agit d'intégrer un grand nombre de données ou de connaissances résultant des niveaux d'organisation les plus élémentaires qui sont mis à la disposition des chercheurs grâce aux méthodes d'investigation massive. D'autre part, pour découvrir le sens (la fonction) d'un processus donné, nous devons passer d'un niveau d'organisation élémentaire à un niveau d'organisation plus complexe : du gène qui s'exprime à la plante dans son environnement.

3 – FONCTIONNEMENT INTÉGRÉ DE LA PLANTE DANS SON ENVIRONNEMENT

3.1 MÉTABOLISME ET PHYSIOLOGIE DE L'ORGANISME

Le premier degré d'intégration biochimique est celui des systèmes métaboliques, et

bien des caractères macroscopiques sont directement reliés à des flux ou à des pools métaboliques pas toujours aisés à quantifier. On dispose aujourd'hui d'outils performants pour identifier et quantifier des métabolites *in planta* : la protéomique quantitative donne accès aux concentrations d'enzymes, l'analyse du métabolome par GC/MS ou RMN permet de déterminer les teneurs en métabolites et cofacteurs, enfin les mesures par RMN des enrichissements en ^{13}C des métabolites d'un système permettent de calculer des valeurs de flux. Ainsi s'ouvrent des perspectives d'analyse et de modélisation des systèmes fondées sur des valeurs de paramètres et de variables ayant une pertinence biologique, et donc des possibilités de prédiction précieuses pour l'ingénierie métabolique. L'exploitation des données du métabolisme requiert ainsi non seulement les compétences de biologistes mais aussi celles d'informaticiens, de physiciens et de mathématiciens.

L'adaptation des plantes à leur environnement met en jeu la synthèse de métabolites dits secondaires très diversifiés et souvent de structures complexes, qui sont une véritable mine pour la pharmacopée, la parfumerie, les industries des colorants ou des biopesticides. Une meilleure connaissance des métabolites secondaires formés dans les végétaux terrestres ou les organismes aquatiques, des gènes correspondants et des facteurs de transcription contrôlant leur expression devrait permettre d'envisager un contrôle raisonné de l'usine chimique végétale dans une optique utile à l'homme.

Les compétences et équipements en France sur le métabolisme végétal se situent dans un contexte qui, au cours des dernières décennies, a surtout privilégié la biologie moléculaire sensu stricto au détriment de la biologie végétale et nous souffrons d'une carence d'outils technologiques/analytiques appropriés et performants, librement accessibles aux porteurs de projets novateurs.

3.2 SYSTÈMES DE TRANSPORTS MEMBRANAIRES ET LEURS RÔLES DANS LA SIGNALISATION

L'intégration du métabolisme dans la physiologie de la plante requiert des systèmes de transport membranaires impliqués dans le dialogue entre compartiments subcellulaires, entre cellules et entre organes. Ces systèmes sont donc essentiels à la physiologie de la plante : nutrition, morphogenèse, détoxification, réponses à l'environnement et résistance aux stress.

Transport et signalisation mobilisent une partie importante des efforts de recherche dans le domaine végétal en France et constituent l'un de ses points forts. En particulier, la caractérisation fonctionnelle de transporteurs et de canaux est bien développée, mettant en œuvre des complémentarités d'approches d'expression dans des systèmes hétérologues, d'électrophysiologie, de génétique inverse, et de localisation des territoires d'expression *in planta*. De même, dans le domaine des aspects membranaire de la signalisation, des équipes françaises sont reconnues pour leurs travaux sur la caractérisation de récepteurs impliqués, en particulier, dans les réponses aux agents pathogènes. La caractérisation de ligands et l'élucidation du mode d'activation de ces récepteurs constituent des enjeux importants pour le futur.

Enfin, il convient d'intégrer les études fonctionnelles actuelles avec des modèles biologiques appropriés, et de développer des approches génétiques focalisées pour replacer ces activités de transport dans le contexte de la signalisation. Ces futures orientations permettraient, en particulier, une meilleure intégration des études entre transport et signalisation « longue distance », couplage à la base de nombreuses réponses adaptatives et de développement chez les plantes.

3.3 INTERACTIONS ENTRE PLANTES ET MICROORGANISMES PATHOGÈNES OU SYMBIOTES : DÉCODAGE D'UN DIALOGUE MOLÉCULAIRE COMPLEXE

Dans la nature, les plantes établissent des interactions plus ou moins étroites, pathogènes ou symbiotiques, avec une large variété de microorganismes procaryotes et eucaryotes. Tenter de comprendre les mécanismes complexes qui sous-tendent l'établissement de ces interactions nécessite d'identifier les échanges moléculaires entre les deux partenaires. Parmi ceux-ci, ceux qui déterminent l'issue de l'interaction (déterminants du pouvoir pathogène, récepteurs de l'hôte, éléments des voies de transduction) ont un intérêt primordial. C'est un domaine de recherche très actif en France. En ce qui concerne le partenaire microbien pathogène, les nombreux outils issus de la génétique moléculaire et la mise au point de pathosystèmes modèles, ont permis de faire progresser les connaissances des mécanismes de pathogenèse tout en les replaçant dans un système expérimental intégré. Le pouvoir pathogène des bactéries dépend notamment de leur capacité à injecter des protéines effectrices dans la cellule végétale. Ces protéines interfèrent avec les processus métaboliques de l'hôte et en particulier avec ses systèmes de défense. Le séquençage de diverses espèces phytopathogènes (en particulier de *Ralstonia solanacearum* réalisé en France) a révélé un nombre important de ces effecteurs pour chaque souche. Les recherches à venir s'orientent donc très fortement vers la recherche des cibles moléculaires végétales des effecteurs clefs et sur le décryptage de leur mode d'action. De par leur diversité (mode de vie, stratégies d'infection) et leur complexité, les recherches sur les champignons phytopathogènes ont progressé moins rapidement mais une dizaine de génomes complets seront disponibles en 2006 et les approches de mutagenèse insertionnelle développées récemment sur quelques modèles, commencent à apporter des données sur le pouvoir pathogène de ces organismes.

Les dernières années ont été très fécondes dans l'identification des acteurs clés de la réponse de la plante aux agressions pathogènes, tant en ce qui concerne la perception de l'agent pathogène (clonage de nombreux gènes de résistance), la transduction des signaux issus de cette étape de reconnaissance, que les réponses de défense de la plante. La connaissance des génomes d'*Arabidopsis thaliana* et du riz a permis de développer des approches globales d'analyse des changements transcriptionnels au cours de l'interaction, donnant non seulement accès à de nouveaux gènes, mais également un moyen supplémentaire d'analyse des voies complexes de signalisation.

Dans le cas des virus phytopathogènes, la recherche les partenaires cellulaires représente l'un des aspects porteurs de cette discipline dans laquelle quelques jeunes équipes du CNRS se sont engagées avec dynamisme. Un domaine en émergence et très compétitif et représenté par l'étude des phénomènes de *Post-Transcriptional Gene Silencing* (PTGS) qui gouverne la destruction totale d'ARNm ciblés et agit comme un système antiviral chez les plantes et est similaire sinon identique au «RNA interfering» décrit chez les animaux. Quelques aspects spécifiques du PTGS chez les plantes, comme par exemple sa signalisation systémique sous forme de petites molécules d'ARN, en font un domaine hautement innovant et extrêmement compétitif dans lequel le CNRS doit se positionner très rapidement. Enfin, l'évolution des virus (champ de recherche plus intégratif et émergent, dont l'exploration fondamentale sera indispensable au concept de «durabilité») est un aspect beaucoup trop faiblement représenté dans le secteur végétal en France.

Enfin, l'association symbiotique Rhizobium/légumineuse, en plus d'être un modèle d'étude de l'organogenèse végétale (le nodule fixateur d'azote) fournit un exemple unique d'un dialogue moléculaire spécifique et réciproque aboutissant à la reconnaissance des deux partenaires et à l'infection contrôlée des tissus végétaux. *Medicago truncatula*, nouveau modèle végétal développé grâce à la combinaison des efforts européens et améri-

cains, permet déjà le développement d'outils génomiques, essentiels à la compréhension de ces interactions. Côté microbe, le génome de *Rhizobium meliloti*, partenaire de *Medicago truncatula* a été entièrement séquencé. Par ailleurs, la symbiose mycorhizienne, qui représente l'association plante-champignon la plus répandue et la plus ancienne du monde végétal, bénéficie depuis peu d'un intérêt croissant, des outils moléculaires et génomiques étant en cours de développement.

3.4 REPRODUCTION ET DÉVELOPPEMENT

La reproduction sexuée des plantes à fleurs qui permet la transformation de l'ovule en graine et de l'ovaire en fruit et la reproduction asexuée par multiplication végétative ou clonage revêtent une importance économique considérable et mettent en jeu des mécanismes originaux. Par exemple, dans le cas des plantes présentant une auto-incompatibilité pollinique, la pollinisation fonctionne en sens inverse du système immunitaire des animaux. Par ailleurs, la reproduction sexuée implique chez les plantes une double fécondation, dont l'analyse cellulaire et moléculaire a bénéficié de la mise au point de modèles *in vitro* capables de mimer la fécondation *in planta*. Enfin, la totipotence des cellules végétales, qui permet le bouturage, illustre une autre différence fondamentale par rapport aux animaux.

Le développement végétal se fait à partir de cellules à caractère embryonnaire, ou cellules méristématiques, qui constituent un peu l'analogue des cellules-souches des animaux. Les analyses génétiques réalisées depuis le début des années 1990 chez diverses espèces, notamment *Arabidopsis*, ont conduit à un modèle multifactoriel impliquant des gènes constitutifs et des gènes inductibles par des facteurs physiques externes, ou des signaux internes comme le saccharose et certaines phytohormones. L'étude fonctionnelle des méristèmes responsables de l'architecture des plantes constitue un enjeu important : les tra-

voux remarquables sur la mise en place des organes latéraux et des feuilles ont conduit à la mise en évidence de nouveaux gènes, certains à homéoboîte, d'autres de type facteurs de transcription. C'est un domaine où la modélisation permet de tester les hypothèses fonctionnelles.

Des approches spécifiques à la biologie cellulaire et à la physiologie végétale complètent la dimension très intégrative des recherches en cours. Une dimension importante recouvre la perception des signaux externes et les échanges de signaux internes, qui induisent des cascades de signalisation ayant des répercussions profondes sur le développement. L'étude de nombreux mutants morphogénétiques a permis de progresser dans la connaissance des mécanismes mis en jeu pour la perception et la transduction du signal lumineux dont les plantes perçoivent l'intensité, le spectre, la qualité, la périodicité et l'orientation. L'étude des signaux internes, en pleine expansion, bénéficie aussi des données issues de la génétique, via l'obtention de mutants spécifiques et de la génomique. Le défi essentiel, dans ce domaine, au-delà de l'identification des molécules impliquées dans une voie de signalisation, concerne la séquence des événements et leur spécificité, vis-à-vis d'un signal donné et d'une réponse précise.

4 – ÉTAT DES LIEUX DE LA RECHERCHE EN BIOLOGIE VÉGÉTALE

4.1 RESSOURCES HUMAINES

Le nombre d'unités impliquées dans des recherches sur les modèles végétaux est relativement faible : 25 unités (dont 2 UPR) travaillent presque exclusivement sur les plantes. À cela, viennent s'ajouter quelques équipes (en général de petite taille) travaillant au sein d'unités (au nombre de 8 et situées à Banyuls, Bor-

deaux, Grenoble, Lille, Lyon, Marseille et Orsay) qui ne sont pas rattachées en principal à la section 28. Cette situation provient d'un intense effort de structuration de la discipline dans les années 90 qui a conduit à la mise en place d'un nombre limité d'unités de taille importante, et en particulier de deux UPR, l'*Institut des Sciences du Végétal* (Gif-sur-Yvette) et l'*Institut de Biologie Moléculaire des Plantes* (IBMP, Strasbourg). Des estimations basées sur les données de Labintel indiquent que les unités évaluées par la section 28 regroupent environ 1 700 personnes (Tableau 1), dont environ 650 sont dans des unités mixtes avec l'INRA.

Tableau 1 : Répartition des personnels des unités de recherche évaluées par la section 28 (valeurs arrondies, rassemblées à partir des données de Labintel, valeurs estimées pour les étudiants M1/M2 à partir des données de quelques unités)

	UMR & UPR	dont UMR avec INRA
Nombre total	1 700	650
Chercheurs CNRS	270	70
Autres chercheurs (enseignants-chercheurs, INRA, CEA...)	365	165
ITA/IATOS	500	220
Thésards	220	65
Post-docs	120	50
Étudiants M1/M2	225	80

4.2 RÉPARTITION GÉOGRAPHIQUE DES UNITÉS

En terme de répartition géographique, le tableau 2 montre que la région *Île de France*

vient très largement en tête (essentiellement la partie sud avec Gif, Orsay et Évry) pour les ressources humaines impliquées avec près de 500 personnes étudiant les modèles travaillés dans la section 28.

Tableau 2 : Répartition géographique des forces humaines des unités évaluées par la section 28 (estimations basées sur les données Labintel)

Île de France	460
– Île de France Sud (Évry, Gif-sur-Yvette, Orsay)	355
– Paris (et Ivry)	105
Midi-Pyrénées (Toulouse)	220
Alsace (Strasbourg)	185
Languedoc-Roussillon (Banyuls, Montpellier, Perpignan)	165
Rhône-Alpes (Grenoble, Lyon)	165
Provence Alpes Côte d'Azur (Cadarache, Marseille, Sophia-Antipolis)	140
Auvergne (Clermont-Ferrand)	75
Bourgogne (Dijon)	75
Aquitaine (Bordeaux)	70
Haute Normandie (Rouen)	50
Poitou-Charentes (Poitiers)	45
Bretagne (Roscoff)	40
Nord – Pas de Calais (Lille)	10
Total	1 700

Viennent ensuite les régions *Midi-Pyrénées* (~ 210 personnes à Toulouse), *Alsace* (~ 180 personnes à Strasbourg) qui ont rassemblé les unités sur un même campus (voire au sein d'une même unité). Les régions *Languedoc-Roussillon*, *Rhône-Alpes* et *Provence – Alpes – Côte d'Azur*, présentent des potentiels

assez équivalents (~ 150-160 personnes) répartis dans plusieurs unités. Viennent ensuite des sites où les forces humaines impliquées sont moindres : leur force réside dans leur spécialisation thématique (biologie marine à Roscoff, régulation de l'expression des génomes à Clermont-Ferrand, glycobiologie à Lille et Rouen, interactions plantes-microorganismes à Dijon, métabolisme des lipides à Bordeaux, transport de sucres à Poitiers).

L'importance des forces mobilisées sur ces divers sites autour du CNRS peut-elle être comparée avec les autres sites européens travaillant sur les modèles végétaux? L'IBMP, avec moins de 200 personnes (dont 40 chercheurs CNRS), est la plus grosse unité française impliquée dans les sciences végétales. La situation est bien différente dans les autres pays européens où l'on trouve de très grands centres de recherche dédiés aux modèles végétaux. Ainsi, le plus grand centre européen de recherche en biologie végétale se trouve près de Norwich en Angleterre : 800 scientifiques et étudiants travaillent au *John Innes Centre*. D'autres sites importants se trouvent à Rothamsted, Lancaster ou Leeds. En Allemagne, plus de 350 personnes travaillent au *Max Planck Institute for Molecular Plant Physiology* à Golm et ce nombre doit augmenter de manière très significative dans un avenir proche avec la création d'un 3^e département et de nouvelles équipes au sein de l'unité. De même, environ 250 personnes travaillent au *Max Planck Institute for Plant Breeding Research* à Cologne.

Il faut intégrer l'ensemble des partenaires présents dans une même région (essentiellement CNRS, INRA, Universités) pour atteindre des réseaux de taille comparable aux grands centres européens de recherche sur les plantes. Ainsi, se met en place sur Paris Sud (Évry, Gif-sur-Yvette, Orsay, Versailles, Grignon) un réseau de Biologie Végétale regroupant 14 unités de recherche, unités mixtes et équipes, relevant de 5 tutelles (INRA, CNRS, Université Paris Sud-11, INA-Paris-Grignon, ENGREF). L'effectif total de ce réseau est actuellement d'environ 900 personnes, dont 600 permanents (70 chercheurs CNRS, 110 chercheurs INRA,

85 enseignants-chercheurs, 75 ITA CNRS, 230 ITA INRA, 45 IATOS) et 130 thésards. En région, le potentiel existe pour la création de réseaux mobilisant l'ensemble des forces sur les modèles végétaux. C'est le cas à Montpellier, Toulouse et Bordeaux, c'est-à-dire sur des sites où les moyens humains apportés par les organismes autres que le CNRS (INRA, IRD, CIRAD, etc.) sont importants.

Le cas particulier de Montpellier doit en effet être souligné, avec la labellisation du RTRA *Agronomie et développement durable*, porté par trois établissements fondateurs : INRA, CIRAD et Montpellier SupAgro, et l'ensemble des partenaires du pôle *Agropolis International*. À sa création, le RTRA comptera 30 unités de recherche (dont 17 UMR et 13 unités propres de l'INRA et du Cirad). Ces unités ont été sélectionnées sur la base du fil conducteur qui est la Plante. Elles concernent 492 cadres scientifiques des trois organismes fondateurs (Cirad : 181, Inra : 247, Montpellier SupAgro : 64) basés à Montpellier et Avignon, que viennent renforcer 80 chercheurs du Cirad en poste dans l'outre-mer français et étranger, et correspondants des unités du réseau. Le RTRA s'insère dans le dispositif plus large d'Agropolis International, fort de plus de 2 200 cadres scientifiques et 118 unités de recherches. Il est donc évident que Montpellier représente en France un pôle majeur en sciences végétales. Dans ces conditions, il est tout à fait regrettable que sa création se soit faite en dehors du CNRS, alors que plusieurs UMR sont directement dans le champ thématique.

4.3 RELATIONS AVEC LES AUTRES ORGANISMES

Une partie essentielle de la force de la communauté des chercheurs travaillant sur les modèles végétaux réside dans la particularité d'être intégrée dans un partenariat fort entre le CNRS, l'INRA, le CEA, le CIRAD, l'IRD et certains établissements d'enseigne-

ment supérieurs (ENS, INA-PG, ENSAM, ENSAT, etc.). Cependant, la synergie logiquement attendue de telles associations pourrait être encore plus importante si l'on renforçait la concertation entre les différents partenaires, dont chacun devrait affirmer l'importance de la conduite de recherches génériques en biologie végétale. L'exemple que nous venons d'évoquer du RTRA *Agronomie et développement durable* de Montpellier illustre cependant les limites de la concertation actuelle.

Ainsi, une part importante des laboratoires français de biologie végétale est constituée par des UMR impliquant le CNRS et l'INRA. Ces unités travaillent dans les domaines de la génomique structurale et fonctionnelle (Évry), le contrôle du statut hydro-minéral des plantes (Montpellier), le développement et la reproduction des plantes (Lyon), la biologie des organites, le métabolisme et la biosynthèse des acides aminés et des vitamines (Grenoble), les interactions plantes micro-organismes (Toulouse, Sophia-Antipolis et Dijon). Le tableau 1 précise en termes de ressources humaines l'importance de cette interaction forte de l'INRA et du CNRS. Elle a permis des avancées scientifiques majeures ces dix dernières années dans les domaines évoqués ci-dessus.

Compte tenu de la taille relativement modeste de la communauté scientifique française dans le domaine des recherches de base en biologie végétale, l'interaction INRA/CNRS a été un moyen très efficace de consolider le dispositif national dans ce champ scientifique. Elle a fortement contribué à assurer notre compétitivité dans un secteur en pleine évolution, avec des mobilisations de moyens considérables de la part de nos concurrents, en particulier américains et asiatiques.

À l'avenir, cette relation privilégiée entre les deux organismes est certainement à poursuivre, voir à renforcer. Le projet de structuration dans le sud de l'Île de France témoigne de l'importance des enjeux. Une telle relation nécessite une concertation renforcée entre les deux organismes et une harmonisation d'un certain nombre de procédures afin de ne pas alourdir les modalités de gestion des Unités.

En ce qui concerne les autres organismes, deux unités de la section sont des unités mixtes avec le CEA (UMR 5168 à Grenoble et UMR 6191 à Cadarache), l'UMR 5096 à Perpignan (et Montpellier) est mixte avec l'IRD.

4.4 THÈMES DE RECHERCHE ABORDÉS PAR LES UNITÉS DE LA SECTION

Au CNRS, les recherches sur les plantes couvrent un large éventail de disciplines : génétique quantitative et théorique, génétique des populations, génétique évolutive, modélisation, génétique moléculaire, génomique structurale et fonctionnelle, biologie du développement, biologie cellulaire, physiologie, biochimie et biologie structurale. Ces disciplines sont mobilisées pour répondre à des questions aussi variées que : la génomique végétale (plasticité et évolution des génomes végétaux), la régulation (épigénétique, post-transcriptionnelle et post-traductionnelle) de l'expression des gènes et des génomes, la biologie cellulaire (physiologie, métabolisme, transports, trafic membranaire, biogenèse des membranes et des organites cellulaires, signalisation), le développement, les réponses et adaptation des plantes aux facteurs de l'environnement, les interactions plantes-micro-organismes (pathogènes et symbiotiques), les biotechnologies végétales. L'annexe 2 présente ainsi pour chacune des unités rattachées en principal à la section 28 une série de mots-clés résumant les thèmes de recherche abordés dans ces unités. Le tableau 3 résume ces données.

La structuration récente du CNRS qui distingue les départements *Science du Vivant* (SDV) et *Environnement & développement durable* (EDD) traverse les unités travaillant sur les modèles végétaux. En général, ces unités indiquent entre 70 %-90 % d'activité liée à SDV et 10 %-30 % pour EDD (moyenne 80 %-20 %). Les exceptions sont d'une part l'UMR 6191 à Cadarache (30 % SDV, 70 % EDD) et l'UMR 5184 à Dijon (50 % SDV, 50 % EDD).

**Tableau 3 : Thèmes de recherche
abordés dans les unités de la section 28**

Génomés, génomique structurale, évolution	Banyuls, Bordeaux, Évry, Lille, Orsay, Paris, Perpignan, Roscoff, Strasbourg
Régulation de l'expression des gènes et des génomes (recombinaison, réparation, régulations épigénétiques, post-transcriptionnelles et post-translationnelles, ARN non codants, ARN régulateurs, édition ARN)	Bordeaux, Clermont-Ferrand, Évry, Gif-sur-Yvette, Orsay, Paris, Perpignan, Strasbourg, Toulouse
Génétique (moléculaire, quantitative, multifactorielle, des populations, etc.)	Cadarache, Clermont-Ferrand, Évry, Gif-sur-Yvette, Grenoble, Orsay, Paris, Strasbourg, Toulouse
Génomique fonctionnelle (transcriptome, protéome, etc.)	Dijon, Gif-sur-Yvette, Grenoble, Lyon, Montpellier, Orsay, Paris, Rouen, Roscoff, Toulouse
Métabolisme (métabolisme carboné, lipidique, secondaire, des métaux, etc.), glycobiologie	Bordeaux, Cadarache, Grenoble, Lille, Marseille, Montpellier, Orsay, Paris, Roscoff, Rouen, Strasbourg, Toulouse
Bioénergétique (photosynthèse)	Cadarache, Grenoble, Marseille, Paris
Signalisation cellulaire	Bordeaux, Cadarache, Dijon, Gif-sur-Yvette, Grenoble, Montpellier, Orsay, Paris, Sophia-Antipolis, Strasbourg, Toulouse

Compartmentation, Membranes, Transports et Trafic membranaire	Bordeaux, Cadarache, Dijon, Gif-sur-Yvette, Grenoble, Montpellier, Orsay, Poitiers, Strasbourg, Toulouse
Développement (graine, racine, fleur, nodules racinaires)	Gif-sur-Yvette, Grenoble, Lyon, Paris, Perpignan, Roscoff, Sophia-Antipolis, Toulouse
Réponses aux stress abiotiques (lumière, température, humidité, métaux, etc.)	Bordeaux, Cadarache, Gif-sur-Yvette, Grenoble, Montpellier, Paris, Roscoff
Interactions plantes micro-organismes (symbiotiques et pathogènes : bactéries, champignons, insectes, nématodes, etc.)	Cadarache, Dijon, Gif-sur-Yvette, Lyon, Montpellier, Perpignan, Poitiers, Roscoff, Sophia-Antipolis, Toulouse
Biotechnologies	Bordeaux, Évry, Gif-sur-Yvette, Grenoble, Lyon, Montpellier, Orsay, Perpignan, Rouen, Roscoff, Strasbourg, Toulouse
Bioinformatique	Évry, Gif-sur-Yvette, Grenoble, Orsay, Perpignan, Rouen, Roscoff, Strasbourg, Toulouse
Systèmes modèles (autres qu'Arabidopsis)	Banyuls, Bordeaux, Dijon, Gif-sur-Yvette, Grenoble, Lille, Montpellier, Orsay, Paris, Perpignan, Roscoff, Strasbourg, Toulouse

Seules 3 unités (UMR 5020 et 5097 à Bordeaux, UMR 5667 à Lyon) n'indiquent qu'un rattachement à SDV. Il convient aussi de signaler que 3 unités indiquent qu'une partie de leur activité relève des sciences chimiques (FRE 2910 à Paris, UMR 7139 à Roscoff, UMR 5546 à Toulouse) et une (UMR 7141 à Paris) à 25% des sciences physiques.

CONCLUSION

Depuis une quinzaine d'années, nous avons assisté aux développements rapides et remarquables de l'approche génétique dans les recherches en biologie végétale. Ils ont produit une profonde restructuration de notre commu-

nauté scientifique, générant de nouveaux champs de recherche autour de l'utilisation massive de la plante modèle *Arabidopsis*. Plus récemment, notre communauté a été confrontée, comme toutes les autres communautés de recherche en biologie, à la transition Génétique-Génomique. Celle-ci s'est passée dans de bonnes conditions du fait de la forte implication de quelques équipes françaises dans les programmes internationaux d'investigations du génome d'*Arabidopsis*.

Le cœur de l'effort doit être maintenu, non seulement chez *Arabidopsis* mais aussi chez le Riz, chez *Medicago truncatula*, *Chlamydomonas reinhardtii* et les autres espèces modèles en émergence. Cependant une exploitation optimale de la connaissance « brute » déposée dans les banques de données et des outils d'analyse systématique (transcriptome, protéome, métabolome) requiert un affinement de nos critères d'analyse des phénotypes à l'échelle de la plante entière. Le développement de plates-formes de phénotypage, avec l'aide d'écophysiologistes, est indispensable pour identifier les fonctions des gènes identifiés. La génomique fonctionnelle est particulièrement appropriée pour l'étude de la transduction de signaux, mais elle doit rester fortement ancrée dans des approches génétiques pour forger les outils d'une compréhension des interactions entre la plante et son environnement, incluant les réactions aux stress biotiques et abiotiques. À ce titre, les études génétiques et physiologiques intégrées des plantes se rapprochent des recherches ancrées dans l'écologie et l'écophysiologie végétales et la microbiologie, en particulier la microbiologie du sol, et microorganismes asso-

ciés. L'interaction entre ces communautés scientifiques doit être favorisée.

Enfin, le risque d'un décrochement de l'effort européen vis-à-vis de l'énorme effort américain dans ce domaine est réel et grèverait à court terme l'investissement consenti par les équipes françaises au cours de ces dernières années. Il faut rappeler que la taille de la communauté scientifique impliquée dans les recherches de cette discipline reste modeste par rapport à ce que l'on observe dans d'autres grands pays industrialisés comme l'Allemagne, le Japon et les États Unis. Une telle taille génère une certaine fragilité. La force de cette communauté réside en partie dans la particularité d'être intégrée dans un partenariat fort entre le CNRS, l'INRA, le CEA, le CIRAD, l'IRD et certains établissements d'enseignement supérieurs. Cependant, la synergie logiquement attendue de telles associations pourrait être encore plus importante si l'on renforçait la concertation entre les différents partenaires, dont chacun devrait affirmer l'importance de la conduite de recherches génériques en biologie végétale. Il serait en effet regrettable que la priorité des recherches en biologie végétale soit trop marquée en faveur des espèces cultivées au détriment d'espèces modèles. Que ce soit au niveau national ou européen (*voir Annexe 3*, la plateforme technologique ***Plants for the future*** rédigée sous l'égide de l'EPSO), la *demande sociale* mise en avant affiche des objectifs stratégiques très appliqués aux sciences végétales. Dans ce contexte, le CNRS doit être en mesure d'affirmer, face à ses partenaires nationaux et européens, une stratégie forte pour une recherche fondamentale performante en Biologie végétale.

ANNEXES

ANNEXE 1 : LISTE DES ACRONYMES

ADN-T	ADN du plasmide Ti d' <i>Agrobacterium tumefaciens</i> transféré dans la plante lors de la transformation par <i>Agrobacterium</i>
CEA	Commissariat à l'Énergie atomique
CIRAD	Centre de Coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement
ENGREF	École National du Génie Rural et des Eaux et Forêts
EPSO	European Plant Science Organization
INA	Institut National Agronomique
INRA	Institut National de la Recherche Agronomique
IRD	Institut de Recherche pour le Développement
PTGS	Post-Transcriptional Gene Silencing

ANNEXE 2 : MOTS CLÉS DÉCRIVANT L'ACTIVITÉ DES UNITÉS ÉVALUÉES PAR LA SECTION 28

Bordeaux	UMR 5020	<ul style="list-style-type: none"> - Métabolisme lipidique - Membranes - Trafic membranaire - Stress abiotiques
	UMR 5097	<ul style="list-style-type: none"> - Réplication - ADN mitochondrial - Edition ARNm

Cadarche	UMR 6191	<ul style="list-style-type: none"> - Transport membranaire et signalisation - Développement - Eco-physiologie - Interactions plantes-microorganismes - Bioénergétique et photosynthèse
Clermont-Ferrand	UMR 6547	<ul style="list-style-type: none"> - Recombinaison Réparation - Régulations épigénétiques - ARN non codants - Eléments transposables
Dijon	UMR 5184	<ul style="list-style-type: none"> - Mécanismes de défense - Symbiose mycorhizienne - Génomique (Transcriptome, Protéome) - Signalisation cellulaire - Biotechnologie
Évry	UMR 8014	<ul style="list-style-type: none"> - Génomique - Polyploidie - Génétique réverse - Épigénétique - Transcriptome - Plantes cultivées
Gif-sur-Yvette	UPR 2355	<ul style="list-style-type: none"> - Signalisation cellulaire - Transport et trafic membranaire - Hormones et ARN régulateurs - Développement - Adaptation aux stress - Interactions plantes-microorganismes
	UMR 8120	<ul style="list-style-type: none"> - Génétique multifactorielle - Ressources génétiques - Protéomique - Bioinformatique - Amélioration des plantes
Grenoble	UMR 5168	<ul style="list-style-type: none"> - Métabolisme et compartimentation cellulaire - Membranes, transports et biogenèse - Cytosquelette et complexes macromoléculaires - Stress abiotiques (métaux lourds, milieu alpin)
	UMR 5575	<ul style="list-style-type: none"> - Chloroplastes - Hormones - Développement

Lyon	UMR 2847	<ul style="list-style-type: none"> - Génomique (Transcriptome, Protéome) - Développement - Graines - Champignons phytopathogènes
	UMR 5667	<ul style="list-style-type: none"> - Développement - Fleur - Reproduction
Montpellier	UMR 5004	<ul style="list-style-type: none"> - Nutrition minérale - Stress abiotiques - Transporteurs membranaires
Orsay	UMR 8618	<ul style="list-style-type: none"> - Métabolisme - Développement - Signalisation - Interactions plantes-microorganismes
Paris	UMR 7141	<ul style="list-style-type: none"> - Bioénergétique et photosynthèse - Expression génétique du chloroplaste - Biogenèse des protéines membranaires - Chlamydomonas
	FRE 2910	<ul style="list-style-type: none"> - Diatomées - Signalisation - Morphogenèse - Génomique
	FRE 2846 (Ivry)	<ul style="list-style-type: none"> - Lipides membranaires - Lumière - Signalisation - Stress abiotiques - Développement
Perpignan	UMR 5096	<ul style="list-style-type: none"> - Génomique - Régulation - petits ARN - Développement
Poitiers	UMR 6161	<ul style="list-style-type: none"> - Transport des sucres - Réactions de défense - Lipides et membranes - Signalisation
Roscoff	UMR 7139	<ul style="list-style-type: none"> - Algues marines - Stress biotique et abiotique - Développement - Parois - Évolution

Rouen	UMR 6037	<ul style="list-style-type: none"> - Trafic intracellulaire - Glycobiologie - Biotechnologie
Sopbia-Antipolis	UMR 6192	<ul style="list-style-type: none"> - Interactions plantes-microorganismes - Symbiose - Signalisation redox - Pouvoir pathogène - Santé des plantes
Strasbourg	UPR 2355	<ul style="list-style-type: none"> - Régulations (épigénétiques, post-transcriptionnelles et post-traductionnelles) de l'expression des gènes - Virologie - Mitochondrie - Métabolisme
Toulouse	UMR 2294	<ul style="list-style-type: none"> - Interactions plantes-microorganismes - Signalisation - Analyse des génomes - Réseaux de régulation
	UMR 5546	<ul style="list-style-type: none"> - Signalisation cellulaire - Interactions Plantes-Microorganismes (pathologie et symbiose) - Régulation génique - Paroi cellulaire et différenciation

ANNEXE 3 : DOCUMENT EPSO – PLANT FOR THE FUTURE

L'EPSO (<http://www.epsoweb.org/>), créée en 2000, est une organisation indépendante rassemblant plus d'une cinquantaine de centres de recherche de 23 pays européens. En France, la communauté des chercheurs en *Bio-logie végétale* est représentée par l'INRA, le CNRS et le CIRAD. L'objectif principal d'EPSO est d'améliorer l'impact et la visibilité des sciences végétales en Europe en :

1. permettant à la communauté scientifique européenne travaillant sur les plantes d'exprimer sa vision pour les prochaines années afin de permettre l'élaboration, par les

agences de financement aussi bien tant européennes que nationales, de stratégies à long terme pour le financement de la recherche en biologie végétale ;

2. diffusant vers les communautés scientifiques, industrielles et le grand public une information indépendante sur la recherche en biologie végétale et ses enjeux ;

3. contribuant au développement de l'agriculture, l'horticulture, la sylviculture et de la biodiversité.

Dans le cadre de la mise en place par la CEE d'un programme de *Technology platforms* visant à renforcer le tissu industriel européen en développement sur le long terme des partenariats de recherche dans divers domaines, une *Plant Technology platform* a été créée. Dans ce cadre, un groupe de travail, coordonné par l'EPSO et l'Association européenne des bioindustries EuropaBio (<http://www.europabio.org/>), a préparé un document

Plants for the future (voir document ci-dessous) qui a servi de cadre à la rédaction d'un programme d'actions détaillé, *Plant for the future, Strategie research agenda*. Ce programme d'action (cf. site web EPSO <http://www.epsoweb.org/Catalog/TP/index.htm> et commentaires http://bioinformatics.psb.u-gent.be/FPRA/pdf/draft_report.pdf) vise à atteindre quatre objectifs principaux :

– garantir aux consommateurs européens la fourniture d'aliments de qualité, sûrs et variés ;

– jeter les bases d'une agriculture durable respectueuse de l'environnement ;

– développer des filières de production de produits *verts*, dérivés des plantes et donc renouvelables ;

– développer une économie *verte* compétitive et respectant les souhaits de la société et des consommateurs en particulier.

