

Sélection d'activités concernées par la biodiversité ou les ressources génétiques et classées par département scientifique

Biologie végétale

UMR 1165 Unité mixte de recherche Génomique végétale

Activité Ressources génomiques et informatiques en biologie végétale

UR 501 Laboratoire de Biologie cellulaire

Activité Interactions hôtes-transposons et biodiversité végétale

Résumé Les éléments transposables sont des constituants majeurs des génomes, où ils pourraient jouer un rôle évolutif, en particulier dans la réponse aux stress. Nous nous intéressons au rétrotransposon Tnt1, que nous avons isolé chez le tabac, et nos travaux portent sur l'analyse des mécanismes régulant la transposition de Tnt1, et de son impact sur les génomes hôtes et son utilisation comme outil biotechnologique. L'expression de l'élément Tnt1A est induite par divers stress, en parallèle aux réponses de défense précoces. Des séquences régulatrices, identifiées dans la LTR, présentent des homologies avec les régions régulatrices de gènes de défense. La forte variabilité des LTRs des populations Tnt1 suggère que ces éléments évoluent par acquisition de nouvelles régulations. Enfin, nous avons entrepris une analyse de l'impact de Tnt1 sur ses génomes hôtes, par analyse du polymorphisme de ses sites d'insertion. Nos résultats montrent que des facteurs issus de pathogènes sont capables d'induire la transposition de Tnt1. Nos recherches portent à présent sur l'utilisation des sites d'insertion de Tnt1 pour estimer la biodiversité végétale des Solanacées.

Mots-clés transposon ; stress ; évolution ; biodiversité

Caractérisation et élaboration des produits issus de l'agriculture

UMR 1096 Unité mixte de recherche Polymorphismes d'intérêt agronomique

Activité Mécanismes évolutifs et dynamique de la diversité d'espèces tropicales et méditerranéennes (riz, blé, sorgho, canne à sucre, bananier)

UMR 1131 Unité mixte de recherche Santé de la vigne et qualité du vin

Activité Caractérisation génétique, propriétés physiologiques et biodiversité des levures : fermentation, arômes

Résumé Caractérisation génétique et propriétés physiologiques des levures oenologique.

La levure de boulangerie *Saccharomyces cerevisiae* est un des organismes vivants les mieux connus. C'est le premier dont le génome a été séquencé en totalité.

La très grande majorité des données biochimiques et génétiques disponibles sur la levure ont été obtenues à partir de souches sélectionnées dans un petit nombre de laboratoires, ce qui explique qu'elles possèdent un fond génétique étroit. Cependant, entre deux souches de laboratoires génétiquement proches, telles X2180 et FL100, des différences importantes existent sur le plan physiologique, manifestant des différences dans l'expression des gènes.

Les levures sauvages ont été peu étudiées, en particulier à cause de leur instabilité génétique et de leur caractère homothallique. L'Université de Haute Alsace (IUT Génie Biologique) et l'INRA de Colmar ont constitué depuis plusieurs années une collection importante de levures sauvages, à partir du vignoble et des chais. L'analyse génétique entreprise pour structurer les collections a permis de révéler une importante diversité génétique.

L'objectif des recherches est d'étudier les caractéristiques génétiques et phénotypiques de ces levures sauvages par comparaison aux levures de laboratoire, afin d'approfondir les connaissances sur le métabolisme, et la stabilité génétique.

La résistance à l'acidité en relation avec les lipides membranaires sera plus particulièrement étudiée.

Mots-clés levures sauvages ; levures de laboratoire ; résistance à l'acidité

Activité Connaissance de la diversité et gestion optimisée de collections de clones chez la vigne

Activité Innovation variétale et diversification chez la vigne : création de variétés et de lignées ; sélection clonale

Résumé création variétale hybridation entre géniteurs de résistance d'origine Muscadinia ou Vitis et les variétés cultivées de vinifera

Mots-clés amélioration génétique ; ressource génétique ; vigne ; zone septentrionale

UMR 1163 Unité mixte de recherche Biotechnologie des champignons filamenteux

Activité Construction de souches génétiquement stables hyperproductrices d'enzymes par la génétique formelle et étude de l'expression des gènes d'intérêt et approche structurale

Résumé Les ressources génétiques du monde fongique sont devenues un enjeu industriel stratégique majeur. La recherche d'enzymes ou de voies métaboliques originales permettant la transformation orientée de composés végétaux à structure aromatique est réalisée par criblage de souches fongiques appartenant essentiellement au groupe des basidiomycètes. L'amélioration des souches sélectionnées s'effectue par :

- une approche non-OGM (par la génétique formelle) permettant la construction de souches fongiques monocaryotiques génétiquement stables et hyperproductrices
- une approche OGM : les gènes de basidiomycètes codant pour les enzymes d'intérêt sont surexprimés dans des souches industrielles d'*Aspergillus*

Mots-clés champignon filamenteux ; enzyme ; surexpression ; génétique formelle ; ressource génétique

Écologie des forêts, prairies et milieux aquatiques

UMR 1136 Unité mixte de recherche Interactions arbres-microorganismes

Activité **Écologie et diversité génétique des champignons saprophytes et des partenaires de la symbiose mycorhizienne**

Résumé L'étude de la biodiversité (richesse spécifique, diversité génétique intraspécifique), que se soit celle des micro-organismes (champignons ectomycorhiziens et bactéries associées) ou de leurs plantes hôtes, fait partie intégrante de deux actions de recherche de l'UMR laM (Actions 1 & 2). Elle a pour objectifs d'identifier, puis de modéliser, les facteurs passés et actuels responsables de la dynamique et de l'évolution de la diversité génétique des différents partenaires de la symbiose. Cette connaissance est employée afin de mieux comprendre et de prévoir la résilience de peuplements forestiers face aux interventions humaines ou aux changements climatiques.

UMR 1137 Unité mixte de recherche Écologie et écophysologie forestière

Activité **Bioclimatologie et écophysologie des arbres forestiers, relations stress / photosynthèse, impact du CO₂**

Mots-clés climat ; photosynthèse ; transpiration ; potentiel hydrique ; conductance ; croissance ; sécheresse ; bilan hydrique ; carbone ; modélisation ; arbre forestier ; peuplement forestier ; Quercus ; Fagus sylvatica ; Fraxinus excelsior ; Pinus ; zone tempérée ; zone tropicale ; dioxyde de carbone ; facteur climatique ; adaptation ; biodiversité ; chêne ; hêtre ; pin ; frêne

UMR 1202 Unité mixte de recherche Biodiversité, gènes et écosystèmes

Activité **Analyse de la diversité des ressources génétiques forestières (pin maritime, chêne sessile, pédonculé et rouge d' Amérique). Méthodologie de la sélection. Créations variétales (pin maritime, chêne rouge) et conservation des ressources génétiques**

Résumé Les activités du laboratoire sont orientées vers :

- 1- La description et l'évolution de la diversité génétique des espèces forestières tempérées et tropicales,
- 2- La recherche de gènes d'intérêt économique et écologique,
- 3- L'amélioration génétique du pin maritime, des pins noirs et du chêne rouge.

Les résultats obtenus ont montré l'intérêt du polymorphisme de l'ADN chloroplastique pour retracer la colonisation post glaciaire des chênes.

L'utilisation des microsatellites a permis de reconstituer les croisements et la reproduction dans les peuplements forestiers naturels.
Des cartes génétiques ont été construites pour le pin maritime, le chêne pédonculé et l'eucalyptus.
Plusieurs protéines exprimées lors d'un stress hydrique ont été identifiées chez le pin maritime.
La stratégie à long terme d'amélioration génétique du pin maritime s'oriente vers plusieurs populations d'amélioration (multilines).

Mots-clés Pinus pinaster ; Quercus petraea ; Quercus robur ; Quercus rubra ; marqueur moléculaire ; sélection assistée par marqueurs ; sélection précoce ; test variétal ; sélection récurrente ; ressource génétique ; amélioration génétique ; théorie de la sélection ; méthode de sélection ; pin ; chêne ; arbre forestier ; diversité génétique

Activité Risque entomologique en forêt artificielle. Biologie et dynamique des populations de la pyrale des troncs (<i>Dioryctria sylvestrella</i>). Relations biodiversité végétale et santé des forêts

Résumé - Dynamique des populations de *Dioryctria sylvestrella* en relation avec la sylviculture intensive du pin maritime.
Etude des mécanismes d'attraction de l'insecte par les odeurs de l'arbre. Mise au point de méthodes de sélection pour la résistance au ravageur.

- Mise au point de méthodes de lutte contre la cochenille du Pin maritime (*Matsucoccus feytaudi*) : prognose par échantillonnage et utilisation de pièges à phéromones, piégeage de masse, attraction kairomonale des ennemis naturels à l'aide de phéromones de synthèse. Analyse phylogéographique et fonctionnelle de la coévolution *Pinus pinaster*/*Matsucoccus feytaudi* pour la gestion des résistances.

- Rôle fonctionnel de la biodiversité dans la résistance d'un écosystème forestier monospécifique aux insectes ravageurs. Essai de diversification de l'habitat pour améliorer le contrôle des ravageurs par leurs ennemis naturels.

Mots-clés insecte ; *Dioryctria sylvestrella* ; pyrale ; *Matsucoccus feytaudi* ; cochenille ; forêt ; *Pinus pinaster* ; biodiversité ; écosystème ; déprédateur ; relation plante-insecte ; phéromone ; dynamique des populations ; échantillonnage ; géostatistique ; substance sémiocchimique ; résine ; terpène ; chromatographie ; résistance ; amélioration génétique ; phylogéographie ; ADN mitochondrial ; PCR ; pin maritime ; forêt landaise ; faunistique ; épidémiologie

UMR 42 Centre alpin de recherche sur les réseaux trophiques des écosystèmes limniques

Activité Microbiologie aquatique

Résumé L'équipe "Dynamique et Evolution des Communautés Phytoplanctoniques" développe principalement deux thématiques. La première se rapporte à l'évaluation de l'impact des xénobiotiques sur la dynamique et le fonctionnement des communautés algales alors que la seconde s'intéresse aux cyanobactéries des eaux douces.
Concernant la première thématique (impact des xénobiotiques), nos travaux s'attachent à la connaissance des effets toxiques sur les communautés algales et à la mise au point d'outils d'évaluation de la qualité de l'eau basés sur le compartiment algal (évaluation de la méthode PICT). La gamme des systèmes étudiés s'étend de la monoculture d'algues isolées du milieu aux communautés complexes naturelles des lacs ou des rivières, et les descripteurs employés varient de l'activité biochimique prise isolément (mesure de la production primaire

par exemple) à la description des structures et de la dynamique des peuplements (par analyse taxonomique notamment).

Concernant les cyanobactéries, nos travaux se rapportent à quatre grands domaines de recherche qui concernent 1. la taxonomie de ces organismes (principalement des espèces filamenteuses), 2. l'étude de leur diversité génétique en relation avec des caractères phénotypiques, 3. l'étude de la dynamique spatio-temporelle des populations de *Planktothrix rubescens* dans le lac du Bourget et la production de toxines et 4. l'impact des proliférations de cyanobactéries sur la diversité et la dynamique des autres communautés microbiennes des écosystèmes aquatiques (bactéries, protistes...).

Mots-clés phytoplancton ; cyanobactérie ; écologie ; écotoxicologie ; dynamique des populations ; taxonomie ; écophysiologie ; génétique des populations ; phycotoxine ; xénobiotique ; pollution ; biodiversité

UMR 745 Unité mixte de recherche **Écologie des forêts de Guyane**

Activité **Écologie de la régénération en forêt naturelle de Guyane : écophysiologie des essences, diversité génétique, symbiose racinaire et dynamique des semis naturels**

Mots-clés forêt tropicale ; régénération naturelle ; symbiose racinaire ; diversité génétique ; aménagement ; Guyane ; zone tropicale ; Amazonie ; cycle biogéochimique ; écosystème ; azote ; arbre forestier ; ensemencement ; fonctionnement hydrique

UR 1037 Station commune de recherches en **Ichtyophysiologie, biodiversité et environnement**

Activité **Cryoconservation de l'ichtyodiversité et des ressources génétiques piscicoles**

Résumé En complément à la démarche à long terme des écologistes, qui recherchent la préservation de l'équilibre des populations de poissons dans des écosystèmes protégés ou restaurés, cette activité a pour objectif finalisé de répondre à des problèmes de sauvegarde urgente de l'ichtyodiversité (diversité des poissons), en application du principe de précaution. Son approche vise à acquérir, en amont, la connaissance de l'ichtyodiversité permettant le choix objectif des espèces en danger à préserver, et en aval, à mettre au point un outil de conservation de leur génome dans l'attente d'une réintroduction dans un milieu naturel redevenu favorable. Par ailleurs, les recherches sur la cryoconservation trouvent aussi leur finalité en aquaculture avec la nécessité de préserver dans le cadre de cryo-conservatoires les génomes de l'ensemble des souches, sauvages, domestiquées et sélectionnées, des espèces aquacoles, en parallèle au développement de la sélection génétique.

Mots-clés biodiversité ; poisson ; taxon ; systématique ; Guyane française ; conservation ; congélation ; sperme ; embryon ; blastomère ; fibroblaste ; chimère

Activité **Mécanisme et rôle de la dispersion dans la dynamique des populations de rongeurs et d'oiseaux**

Résumé Les opérations de recherche de cette équipe, constituée de deux chercheurs et d'un ingénieur, sont, depuis sa fondation en 1992, focalisées sur la recherche du rôle joué par des espèces ou des peuplements de mammifères et d'oiseaux sauvages, à valeur patrimoniale ou considérés comme " nuisibles ", dans le fonctionnement d'écosystèmes qui ont été, sont, ou seront le siège de profondes modifications liées à l'activité humaine. Cette recherche est menée dans la perspective de mettre au point des outils de gestion et d'aide à la décision. Parmi les objectifs de gestion privilégiés : la conservation de la Biodiversité in situ, la Biodiversité étant considérée ici comme une ressource devant être intégrée dans des schémas de développement durable. Les deux écosystèmes sur lesquels portent les actuels travaux de l'équipe sont les écosystèmes insulaires et les écosystèmes urbains.

Mots-clés micromammifère ; oiseau ; rongeur ; insectivore ; Rattus norvegicus ; Crocidura sp ; Sturnus vulgaris ; milieu insulaire ; milieu urbain ; agroécosystème ; ravageur ; biologie de la conservation ; dispersion ; biologie des populations ; surmulot ; lutte antiravageur ; étourneau ; biodiversité ; introduction d'animaux ; parasite

UR 588 Unité Amélioration, génétique et physiologie forestières

Activité **Analyse de la diversité des ressources génétiques forestières en vue de leur utilisation et de leur conservation, méthodologie de la sélection et création variétales. Douglas, mélèzes, pin sylvestre, épicéas, peupliers, merisiers, frênes, érables ondés**

Résumé Cette activité vise à répondre à la multifonctionnalité de la forêt française en poursuivant trois grands objectifs:
1) Contribuer à l'amélioration génétique des espèces utilisées en sylviculture intensive. Les espèces forestières, peu domestiquées, renferment une diversité génétique élevée. Des progrès considérables sur la production quantitative et qualitative de bois, ainsi que sur l'adaptation des espèces peuvent être escomptés au cours des premiers cycles de sélection.
2) Assurer une gestion durable des forêts en préservant la diversité génétique des espèces forestières et en fournissant des indicateurs de maintien et d'évolution de cette diversité.
3) Décrypter au plan génétique et moléculaire les principales fonctions spécifiques des végétaux ligneux pérennes (adaptation, propriétés du bois, etc).

Mots-clés amélioration génétique ; arbre forestier ; banque de données ; biodiversité ; biologie moléculaire ; bois ; création variétale ; croisement contrôlé ; croissance végétale ; diversité ; Douglas ; durabilité ; épicéa ; flux de gènes ; forêt ; Fraxinus ; frêne ; gène de résistance ; génétique des populations ; génétique quantitative ; hybride ; Larix ; marqueur moléculaire ; mélèze ; merisier ; modélisation ; multiplication végétative ; peuplier ; Picea ; pin ; Pinus ; Populus ; Prunus ; Pseudotsuga ; QTL ; relation hôte-parasite ; résistance aux maladies ; ressource génétique ; sélection assistée par marqueurs ; stress hydrique ; sylviculture ; variabilité génétique ; variété ; verger à graines

Activité **Bases biochimiques et moléculaires de l'organogenèse (sexuée et végétative) et de la formation du bois. Espèces : peupliers, noyers, mélèzes, pin, Douglas**

Résumé Etudier les aspects morphologiques, biochimiques et moléculaires du contrôle de la formation du bois et de l'organogenèse. Raisonner la maîtrise de ces processus pour en développer les applications pratiques pour l'améliorateur, le propagateur et le forestier. Ceci concerne : la formation du bois (noyer, peuplier, mélèze...), le métabolisme des lignines (peuplier, mélèze), la rhizogenèse (noyer), l'embryogenèse somatique (mélèze, pins et noyer), le transfert de gènes (peuplier, noyer, mélèze, pins). Transfert des technologies au niveau industriel Les résultats récents concernent: l'obtention d'embryons somatiques chez le pin sylvestre et le pin maritime; La purification et le clonage d'une hydrojuglone glucoside β glucosidase en

relation avec la rhizogenèse; La transformation génétique stable (plantes régénérées) du mélèze, noyer, peuplier; La modification des lignines chez le peuplier et le mélèze par transgenèse (dispositifs en pépinière); La valorisation de la micropropagation du noyer.

Mots-clés agrobacterium ; arbre forestier ; banque de gènes ; biologie moléculaire ; bois ; cambium ; cellulose ; clonage de gènes ; culture in vitro ; différenciation cellulaire ; duraminisation ; embryogenèse ; expression génique ; facteur de transcription ; flavonoïde ; forêt ; génomique fonctionnelle ; histologie ; Juglans ; Larix ; lignification ; mélèze ; noyer ; paroi végétale ; peuplier ; pin ; Pinus ; polyphénol ; Populus ; séquençage ; transcriptome ; transformation génétique ; xylogenèse

UR 629 Unité de Recherches forestières méditerranéennes

Activité **Ressources génétiques forestières méditerranéennes : description de la diversité ; dynamique et évolution ; utilisation et conservation**

Résumé Pour répondre aux questions posées par la gestion des espaces naturels et forestiers méditerranéens, qui se caractérisent notamment par leur diversité et leurs évolutions, nos recherches dans le domaine de la génétique s'orientent suivant trois axes :

axe 1 : description et inventaire de la diversité génétique des principales essences forestières méditerranéennes à l'échelle de leur aire ou à l'échelle du territoire national. La diversité est abordée dans ses différentes composantes, diversité neutre et adaptative.

axe 2 : dynamique et évolution de la diversité dans un environnement changeant, impact des sylvicultures. Deux processus évolutifs principaux sont abordés, les flux de gènes et la réponse adaptative aux conditions environnementales, sur deux écosystèmes modèles, les pinèdes d'altitude en cours de recolonisation par le sapin et le hêtre, la naturalisation du cèdre depuis son introduction.

axe 3 : définition de stratégies de gestion de la diversité, conservation et sélection. Des schémas de conservation in situ et ex situ sont proposés et mis en oeuvre au niveau national pour différentes espèces forestières. Des schémas de sélection accélérée exploitant les particularités de la reproduction découvertes chez les cyprès sont envisagés.

Après une phase concentrée sur l'axe 1, nos recherches actuelles mettent l'accent sur les axes 2 et 3.

Mots-clés ressources génétiques ; biologie des populations ; diversité génétique ; adaptation ; arbre forestier ; Abies ; Cedrus ; Cupressus ; Pinus ; Juglans ; Sorbus ; Fagus ; sapin ; cèdre ; cyprès ; pin ; noyer ; sorbier ; hêtre

UR 633 Unité de Zoologie forestière

Activité **Biologie et dynamique temporelle et spatiale des populations d'insectes forestiers ravageurs, relations avec les arbres hôtes, structuration génétique, comportement, résistance. Espèces : défoliateurs, scolytes, insectes des cônes et graines**

Résumé L'unité a un important savoir faire en matière de dynamique des populations d'insectes et en matière d'élevage. Nous coopérons avec de nombreux laboratoires français et étrangers sur

les relations plantes-insectes, sur les phénomènes complexes qui régulent le développement des insectes forestiers (tels que diapause, dispersion, facteurs génétiques) et sur la variabilité des espèces et des populations. Application à la lutte intégrée contre les ravageurs, à la recherche de méthodes de substitution aux insecticides chimiques (phéromones, composés naturels tels que phénols et terpènes, arbres résistants), et aux problèmes environnementaux. (Introduction volontaire d'arbres ou accidentelle de ravageurs, changements climatiques)

Mots-clés insecte ; insecte forestier ; insecte ravageur ; défoliateur ; Scolytidae ; Chrysomelidae ; xylophage ; insecte des semences ; graine ; développement ; relation plante-insecte ; arbre forestier ; transformation génétique ; variabilité génétique ; dynamique des populations ; conifère ; pin ; Pinus ; peuplier ; PopulusCR>phéromone ; régénération ; résistance ; OGM ; Bacillus thuringiensis ; lutte biologique ; invasion ; biodiversité ; comportement

Environnement et agronomie

UMR 1121 Unité mixte de recherche Agronomie et environnement

Activité Fonctionnement de la rhizosphère : rhizodéposition et activités rhizosphériques

Résumé L'équipe "Rhizosphère" est une des 3 composantes de l'UMR INPL (ENSAIA) - INRA "Agronomie et Environnement" Nancy-Colmar. La rhizosphère est la zone d'échanges mettant en jeu la racine en activité, la microflore de l'interface sol-racine et le sol. Le fonctionnement de la rhizosphère est déterminé par la plante qui libère des composés organiques à proximité des racines. Ainsi la rhizosphère est favorable au développement de nombreux microorganismes. La mission de l'équipe est d'aboutir à une meilleure connaissance des mécanismes se déroulant dans la rhizosphère par une modélisation de la rhizodéposition carbonée et l'analyse des conséquences de la rhizodéposition sur des activités rhizosphériques (structure et diversité des communautés microbiennes, biodisponibilité de l'azote et du soufre). Ces recherches s'inscrivent dans un contexte d'agriculture raisonnée et durable et d'enjeux environnementaux (fertilisation raisonnée, cycle des minéraux dans le sol, établissement d'écobilans).

Mots-clés rhizosphère ; rhizodéposition carbonée ; modélisation ; régulation ; source-puits ; flux de carbone ; carbone 14 ; carbone 13 ; enrichissement en CO₂ ; colonisation racinaire ; communauté microbienne ; diversité phénotypique ; diversité génétique ; biodisponibilité des minéraux ; azote ; azote 15 ; soufre ; maïs ; ray-grass ; orge ; colza ; Medicago truncatula ; prairie

UMR 1229 Unité mixte de recherche Microbiologie et géochimie des sols

Activité Biodégradation et impacts des pesticides sur la flore bactérienne du sol

Résumé Les objectifs sont : i) caractériser les mécanismes d'adaptation des communautés microbiennes telluriques conduisant à la mise en place du phénomène de biodégradation accélérée (BDA), ii) caractériser le fonctionnement des communautés microbiennes dégradant des pesticides en évaluant leur taille, diversité et activité iii) déterminer les paramètres environnementaux (rhizosphère, drillosphère?) influençant le fonctionnement des communautés dégradant des pesticides, iv) proposer des solutions de bioremediation (i) de sites pollués et (ii) d'effluents de traitements BIOBAC).

Mots-clés biodégradation ; pesticide ; atrazine ; isoproturon ; 2,4-D ; communauté microbienne ; potentiel génétique dégradant ; expression du potentiel génétique dégradant ; activité dégradante ; bioremediation ; pesticide ; microflore du sol ; biodégradation ; métabolisme ; dégradation accélérée ; cinétique ; dynamique des populations ; modélisation ; adaptation ; communauté dégradante ; biodiversité ; plasmide ; biodisponibilité ; oligotrophie ; facteur milieu ; activité microbienne

Activité Écologie des populations bactériennes symbiotiques fixatrices d'azote. Maîtrise de l'inoculation du sol et des semences

Résumé Les activités de l'équipe visent à acquérir des connaissances sur la diversité et l'écologie des rhizobia, symbiotes fixateurs d'azote atmosphérique des légumineuses, et les exploiter pour

améliorer la fixation biologique de l'azote atmosphérique (FBN) et accroître son utilisation pour la production de plantes protéagineuses et/ou oléagineuses

Mots-clés Rhizobium ; Bradyrhizobium ; Sinorhizobium ; bactérie tellurique ; sol ; rhizosphère ; légumineuses ; Pisum sativum ; pois ; Vicia faba ; féverole ; Phaseolus vulgaris ; haricot ; Glycine max ; soja ; Lupinus ; lupin ; Medicago sativa ; luzerne ; fixation symbiotique de l'azote atmosphérique ; nutrition azotée ; nodulation ; nodosités ; compétition pour la nodulation ; compétence rhizosphérique ; diversité génétique ; génotypage ; populations bactériennes ; communautés rhizosphériques ; génotype végétal ; spécificité d'hôte ; taxonomie ; phylogénie ; marqueurs moléculaires ; gènes nod ; facteurs Nod ; flavonoïdes ; inoculum ; qualité des inoculum ; méthode d'inoculation ; cytométrie en flux ; sérologie ; impact des pratiques culturales ;

UMR 1248 Unité mixte de recherche Agrosystèmes cultivés et herbagers

Activité Outils, références et modèles pour la gestion des systèmes herbagers (ORPHEE)

Résumé Les changements de structure des exploitations d'élevages et de leur environnement socio-économique nécessitent de renforcer leur capacité d'adaptation en définissant et en évaluant les règles d'organisation et de conduite des surfaces et des troupeaux permettant de satisfaire aux contraintes internes (travail, coût) et aux réglementations relatives aux produits ou à l'espace.
A cette fin deux thématiques sont articulées :
- l'une vise à modéliser la dynamique de la végétation pour une large gamme de pratiques agricoles (fertilisation, défoliation) de façon à orienter les caractéristiques de la végétation (composition botanique, biomasse, digestibilité) vers des états cohérents avec les objectifs zootechniques ou réglementations ;
- l'autre a pour objet de mettre au point des méthodes pour évaluer et concevoir des corps de règles concernant la conduite des surfaces fourragères et des troupeaux. Les grilles d'analyse ou les modèles de simulation sont construits à partir d'une formalisation des décisions à moyen et court terme. Ils s'appuient sur une caractérisation des contraintes des élevages et sur les modèles de fonctionnement des prairies et des troupeaux.

Mots-clés prairie ; composition botanique ; pâturage ; fertilisation ; fauche ; graminée ; dynamique de population ; compétition ; azote ; phosphore ; matière organique ; nutrition minérale ; dactyle ; ray-grass ; fétuque rouge ; brachypode ; cerfeuil ; rumex ; rhinante ; genêt ; biodiversité ; gestion ; décision ; climat ; règle ; planification ; pilotage ; stratégie ; information ; lait ; viande ; bovin ; ovin ; état corporel ; ensilage ; foin ; maïs ; stock ; système fourrager ; système d'élevage ; système de production ; parcelle

UR 102 Unité de recherche Génétique et écophysiologie des légumineuses

Activité Bases génétiques, physiologiques et moléculaires de la qualité des légumineuses à graine (pois, *Medicago*)

Mots-clés Pisum sativum ; pois ; Medicago truncatula ; qualité de la graine ; ressource génétique ; mutagenèse ; QTL ; gène candidat ; composition de la graine ; valeur nutritive ; alimentation animale ; protéagineux ; protéine ; légumine ; viciline ; albumine ; amidon ; paroi ; activité anti-trypsique ; Kjeldahl ; spectrométrie proche infrarouge ; NIRS ; nutrition azotée ; nodulation ;

tolérance aux nitrates ; supernodulation ; fixation de l'azote ; assimilation ; racine ; Rhizobium ; mycorhize ; cartographie physique ; hybridation in situ en fluorescence ; FISH ; synténie ; cartographie ; marqueur moléculaire ; cytométrie en flux ; ploïdie ; in vitro ; protoplaste ; régénération ; embryogenèse ; transformation génétique ; sélection

Activité Innovations variétales et diversification (blé tendre et triticales/adaptation au milieu, féverole/qualité de la graine)

Résumé CEREALES : Amélioration génétique du blé tendre d'hiver pour l'adaptation à certaines contraintes climatiques, notamment le froid hivernal et production de géniteurs ou de variétés intégrant les acquis (résistances aux maladies, rendement qualité) de l'ensemble du groupe céréales. Caractérisation des milieux expérimentaux par l'identification des facteurs limitants du rendement. Identification des objectifs et des contraintes des différents types d'expérimentateurs de variétés pour leur proposer une méthode adaptée d'optimisation de leur pratique de l'expérimentation. Amélioration génétique du triticales pour ses régions de prédilection et pour l'alimentation animale, en lien avec la station de génétique et d'amélioration de Clermont-Ferrand et le GIE triticales.

FEVEROLE : Intégration des caractères de faibles teneurs en facteurs nutritionnels (tanins, vicine, convicine) et de forte teneur en protéine dans des fonds génétiques de féverole de printemps ayant une bonne productivité et une résistance à *Fusarium* sp. Maintien d'une collection importante et originale de ressources génétiques.

Mots-clés *Triticum aestivum* ; blé tendre ; caractérisation du milieu ; résistance au froid ; expérimentation variétale ; *Vicia faba* ; féverole ; protéine ; facteur nutritionnel ; tanin ; vicine ; convicine ; alimentation animale ; ressource génétique

Activité Maîtrise de la culture in vitro (pois, <i>Medicago</i>)

Résumé L'ensemble des biotechnologies végétales sont utilisées afin d'étudier les mécanismes physiologiques et génétiques intervenant dans le développement in vitro de différentes espèces (*Lathyrus*, *Allium*, *Asparagus*, *Brassica*, *Artemisia*) pour l'accroissement de la variabilité génétique, la production de géniteurs homozygotes, la caractérisation des plantes régénérées, l'analyse de la compétence à la régénération, et la compréhension de la physiologie de la maturation (graines et organes de réserve).

Mots-clés in vitro ; micropropagation ; cal ; protoplaste ; régénération ; haploïdie ; embryogenèse ; sélection in vitro ; hybridation somatique ; transformation génétique ; cytométrie en flux ; isoenzyme ; ressource génétique ; *Lathyrus* ; *Allium* ; *Asparagus* ; *Brassica* ; *Artemisia* ; gesse ; oignon ; ail ; asperge ; moutarde ; estragon ; betterave ; chêne ; oignon ; asperge ; moutarde

UR 1103 Unité Génétique et écophysiologie de la qualité des agrumes

Activité Gestion et valorisation de la diversité génétique et agronomique des agrumes

Résumé A partir d'une collection regroupant plus de 600 cultivars d'agrumes des principales espèces de Rutacées, un premier axe de recherche s'articule autour de la caractérisation des ressources génétiques et de la gestion de l'information pour la connaissance de l'organisation

génétique des agrumes, pour définir des méthodologies pour la sélection et la création variétale, conserver, assainir et diffuser les ressources génétiques (collection d'environ 1300 accessions). L'ensemble des informations recueillies (phénotypiques, moléculaires et biochimiques) concernant la caractérisation variétale alimente EGID (Evaluation et Gestion Informatique de la Diversité génétique) qui est un SGBD conçu à la SRA. Cet ensemble de logiciels constitue également la tête d'un réseau international d'information sur les ressources génétiques agrumes.

Le second axe de recherche concerne l'élaboration et la gestion agronomique de la qualité des agrumes, en particulier la clémentine. Cela intègre à la fois la connaissance des processus d'élaboration de certaines composantes de la qualité (teneurs en sucres et en acides, calibre) et l'élaboration d'indicateurs nécessaires à la conduite raisonnée du verger.

Mots-clés gestion informatique ; agrume ; pomologie ; descripteur ; taxonomie ; banque de données ; ressource génétique ; qualité du fruit ; floraison ; pratique culturale ; protection intégrée ; Citrus reticulata ; Citrus

UR 50 Laboratoire de Biotechnologie de l'environnement

Activité Les microorganismes et l'environnement

Résumé Les procédés de dépollution biologiques utilisent empiriquement des flores bactériennes pour la plupart inconnues et incontrôlées. L'objectif de l'équipe de recherche est d'explorer, en utilisant des outils moléculaires, ces communautés bactériennes pour comprendre et optimiser leur fonctionnement dans la dépollution.

Mots-clés biodiversité ; environnement ; dépollution ; microorganisme ; écosystème ; biologie moléculaire ; écologie microbienne ; génie génétique ; bactérie

Génétique animale

UMR 1236 Unité mixte de recherche Génétique et diversité animales

Activité Génétique factorielle avicole

Résumé Cette activité consiste à explorer la diversité génétique chez la poule pondeuse et la caille, afin de proposer des alternatives génétiques de production, adaptées à des conditions de milieu difficiles ou permettant de diminuer les intrants. Des lignées nouvelles sont créées par sélection dans un élevage expérimental ; des gènes et des génotypes issus de ces lignées, ou bien identifiés dans des races locales, sont étudiés avec un éventail d'outils, allant du zooteknique au moléculaire.

Mots-clés ponte ; ressource génétique ; sélection ; croisement ; génotype ; gène majeur ; RFLP ; PCR ; immunité ; adaptation à la chaleur ; résistance aux maladies ; coccidiose ; efficacité alimentaire ; longueur des séries ; gène viral endogène ; gène de nanisme ; complexe majeur d'histocompatibilité ; poule ; caille ; aviculture ; mutation ; carte génétique

Activité Ressources génétiques avicoles

Résumé Les ressources génétiques représentent un héritage mais aussi un réservoir potentiel pour l'évolution de l'élevage. La description des ressources fait appel à un éventail d'outils, en commençant par un recensement et une description des performances, jusqu'à la caractérisation moléculaire de la variabilité du génome voire l'identification de gènes précis. Cette situation, commune à de nombreuses espèces domestiques, fait l'objet d'échanges et de réflexions entre unités de recherche au sein du réseau ressources génétiques. Dans le cas des volailles, un large éventail de races est représenté en France, mais se trouve plus ou moins bien caractérisé. Des travaux sont donc entrepris pour mieux connaître la diversité des races de poules en France et en Europe. Sur un plan expérimental, un troupeau réservoir de gènes et de lignées rares est maintenu par l'unité expérimentale de génétique avicole à Nouzilly, afin de mieux caractériser ces génotypes (performances, polymorphismes moléculaires).

Mots-clés volaille ; biodiversité ; inventaire ; distance génétique ; mutation ; historique ; coloration ; morphologie ; conservation des ressources ; banque d'ADN

UR 337 Station de Génétique quantitative et appliquée

Activité Amélioration génétique des porcins

Résumé Cette activité de recherche concerne différents aspects de l'amélioration génétique du porc. Les programmes de recherche en cours comportent des études sur : (1) la variabilité génétique de nouveaux caractères d'intérêt (teneurs en lipides intramusculaires, caractéristiques des fibres musculaires, ingestion, qualités maternelles, résistance génétique aux maladies), (2) la mise en évidence, la localisation, l'identification et l'étude des effets de gènes à effets majeurs, (3) la détection, la localisation et la cartographie fine de locus à effets quantitatifs (QTL), (4) l'évaluation génétique des reproducteurs, l'optimisation et le suivi des programmes d'amélioration génétique, (5) la caractérisation et la sauvegarde de la diversité génétique.

Mots-clés porc ; sélection ; croisement ; évaluation génétique ; reproduction ; croissance ; composition corporelle ; qualité de la viande ; gène majeur ; locus à effet quantitatif ; diversité génétique

UR 444 Laboratoire de Génétique cellulaire

Activité Cartographie des génomes animaux

Mots-clés carte génétique ; marqueur génétique ; homme ; microsatellite ; cytogénétique ; porc ; poulet ; polymorphisme génétique ; culture de cellules ; analyse de ségrégation ; banque de données ; ovin ; QTL ; hybride somatique ; génome ; chromosome ; banque de gènes ; viande ; qualité

UR 631 Station d'Amélioration génétique des animaux

Activité Amélioration génétique des caprins

Résumé L'objectif de l'activité est l'acquisition des connaissances sur le déterminisme génétique des caractères d'intérêt zootechnique chez les caprins (production laitière, reproduction, production de fibres, résistance aux maladies, qualité des produits), la conception et validation des modèles d'indexation de reproducteurs et l'optimisation de la gestion des populations caprines. La démarche englobe l'acquisition des données en station expérimentale et en fermes, la modélisation polygénique et d'hérédité mixte pour décrire le déterminisme génétique des caractères et optimiser la gestion des populations et la valorisation des connaissances acquises dans des programmes de sélection.

Mots-clés caprin ; variabilité génétique ; paramètre génétique ; amélioration génétique ; gène majeur ; QTL ; race ; ressource génétique ; race alpine ; race saanen ; race poitevine ; race angora ; sélection ; évaluation génétique ; contrôle laitier ; production laitière ; qualité du lait ; mammite ; reproduction ; mohair

Génétique et amélioration des plantes

UE 1057 Domaine expérimental de Vassal

Activité Gestion des collections de ressources génétiques (vigne et espèces apparentées)

UE 1086 Domaine expérimental viticole de Bordeaux

Activité Gestion des collections de ressources génétiques (vigne : cépages bordelais)

UE 394 Unité du Maïs

Activité Gestion des collections de ressources génétiques (lignées maïs)

UE 449 Unité expérimentale de Bois l'Abbé - La Rétuzière

Activité Gestion des collections de ressources génétiques (espèces fruitières et ornementales)

UE 998 Unité d'amélioration des plantes florales de Fréjus

Activité Gestion des collections de ressources génétiques (rosier)

UMR 1095 Unité mixte de recherche Amélioration et santé des plantes

Activité Connaissance de la diversité génétique et gestion optimisée des collections chez les graminées à chaumes (blé, orge, triticale, avoine, ray-grass) et chez quelques champignons symbiotiques (truffes, endophytes des graminées)

Résumé Les ressources génétiques sont l'un des points clés de l'amélioration des plantes. Nous voulons évaluer et décrire les ressources génétiques d'une large collection de céréales par les moyens classiques de l'analyse phénotypique mais aussi ceux de la génomique moderne. Ceci doit amener à la création de collections noyaux représentatives à partir desquelles il sera plus efficace de rechercher des caractères relativement rares ou des allèles intéressants.

Mots-clés ressource génétique ; maintien ; gestion ; évaluation agronomique ; collection noyau ; blé ; orge ; triticale ; avoine ; céréale ; ray-grass ; phylogénie ; marqueur moléculaire ; génotypage ; biodiversité ; évolution

Activité Ressources génomiques, biologiques et informatiques (graminées à chaume)

Résumé L'équipe a pour principale mission de développer des outils de la génomique principalement sur le blé tendre. Ces outils pourront irriguer l'ensemble des laboratoires intéressés à la connaissance des différents déterminants génétiques pour des caractères d'intérêt et permettant d'aborder l'analyse de la structure des génomes complexes comme les polyploïdes. Dans une forte implication à l'initiative Génoplante, nous sommes intéressés au développement de nouveaux marqueurs tel les microsatellites et SNPs.

Mots-clés blé ; riz ; marqueur ; RPLP ; microsatellite ; cartographie ; clonage ; QTL ; transgénèse

UMR 1096 Unité mixte de recherche Polymorphismes d'intérêt agronomique

Activité Mécanismes évolutifs et dynamique de la diversité d'espèces tropicales et méditerranéennes (riz, blé, sorgho, canne à sucre, bananier)

UMR 1097 Unité mixte de recherche Diversité et génome des plantes cultivées

Activité Mécanismes évolutifs et dynamique de la diversité des espèces cultivées tempérées et de leurs apparentées (Medicago, blé dur, tournesol, luzernes annuelles, vigne, maïs)

Activité Ressources génomiques, biologiques et informatiques (Medicago, tournesol, vigne, céréales)

UMR 1131 Unité mixte de recherche Santé de la vigne et qualité du vin

Activité Caractérisation génétique, propriétés physiologiques et biodiversité des levures : fermentation, arômes

Résumé Caractérisation génétique et propriétés physiologiques des levures oenologique

La levure de boulangerie *Saccharomyces cerevisiae* est un des organismes vivants les mieux connus. C'est le premier dont le génome a été séquencé en totalité.

La très grande majorité des données biochimiques et génétiques disponibles sur la levure ont été obtenues à partir de souches sélectionnées dans un petit nombre de laboratoires, ce qui explique qu'elles possèdent un fond génétique étroit. Cependant, entre deux souches de laboratoires génétiquement proches, telles X2180 et FL100, des différences importantes existent sur le plan physiologique, manifestant des différences dans l'expression des gènes.

Les levures sauvages ont été peu étudiées, en particulier à cause de leur instabilité génétique et de leur caractère homothallic. L'Université de Haute Alsace (IUT Génie Biologique) et l'INRA de Colmar ont constitué depuis plusieurs années une collection importante de levures sauvages, à partir du vignoble et des chais. L'analyse génétique entreprise pour structurer les collections a permis de révéler une importante diversité génétique.

L'objectif des recherches est d'étudier les caractéristiques génétiques et phénotypiques de ces levures sauvages par comparaison aux levures de laboratoire, afin d'approfondir les connaissances sur le métabolisme, et la stabilité génétique.

La résistance à l'acidité en relation avec les lipides membranaires sera plus particulièrement étudiée.

Mots-clés levures sauvages ; levures de laboratoire ; résistance à l'acidité

Activité **Connaissance de la diversité et gestion optimisée de collections de clones chez la vigne**

Activité **Innovation variétale et diversification chez la vigne : création de variétés et de lignées ; sélection clonale**

Mots-clés amélioration génétique ; ressource génétique ; vigne ; zone septentrionale

UMR 1165 Unité mixte de recherche Génomique végétale

Activité **Ressources génomiques et informatiques en biologie végétale**

UMR 1259 Unité mixte de recherche Génétique et horticulture

Activité **Gestion et exploitation des ressources génétiques des espèces fruitières et ornementales**

Résumé Les ressources génétiques sont à la base de tout programme de création variétale ; d'importantes collections sont regroupées sur le site angevin. Certaines équipes ont la responsabilité d'animer les réseaux nationaux sous l'égide du BRG ; plusieurs collections servent de référence UPOV.
Les travaux engagés concernent la caractérisation, la conservation et l'évaluation des

collections.

Mots-clés ressource génétique ; espèce fruitière ; espèce ornementale ; évaluation ; conservation ; caractérisation

UMR 320 Unité mixte de recherche de Génétique végétale

Activité Diversité, domestication et ressources génétiques (blé, maïs)

Mots-clés blé ; maïs ; ressource génétique ; méthode de sélection ; sélection récurrente ; haplodiploïdisation ; marquage moléculaire ; cartographie ; sélection assistée par marqueurs ; QTL ; Triticum aestivum ; Zea mays ; plante céréalière ; théorie de la sélection ; variabilité génétique

UR 102 Unité de recherche Génétique et écophysologie des légumineuses

Activité Bases génétiques, physiologiques et moléculaires de la qualité des légumineuses à graine (pois, Medicago)

Mots-clés Pisum sativum ; pois ; Medicago truncatula ; qualité de la graine ; ressource génétique ; mutagenèse ; QTL ; gène candidat ; composition de la graine ; valeur nutritive ; alimentation animale ; protéagineux ; protéine ; légumine ; viciline ; albumine ; amidon ; paroi ; activité anti-trypsique ; Kjeldahl ; spectrométrie proche infrarouge ; NIRS ; nutrition azotée ; nodulation ; tolérance aux nitrates ; supernodulation ; fixation de l'azote ; assimilation ; racine ; Rhizobium ; mycorhize ; cartographie physique ; hybridation in situ en fluorescence ; FISH ; synténie ; cartographie ; marqueur moléculaire ; cytométrie en flux ; ploïdie ; in vitro ; protoplaste ; régénération ; embryogenèse ; transformation génétique ; sélection

Activité Innovations variétales et diversification (blé tendre et triticales/adaptation au milieu, féverole/qualité de la graine)

Résumé CEREALES : Amélioration génétique du blé tendre d'hiver pour l'adaptation à certaines contraintes climatiques, notamment le froid hivernal et production de géniteurs ou de variétés intégrant les acquis (résistances aux maladies, rendement qualité) de l'ensemble du groupe céréales. Caractérisation des milieux expérimentaux par l'identification des facteurs limitants du rendement. Identification des objectifs et des contraintes des différents types d'expérimentateurs de variétés pour leur proposer une méthode adaptée d'optimisation de leur pratique de l'expérimentation. Amélioration génétique du triticales pour ses régions de prédilection et pour l'alimentation animale, en lien avec la station de génétique et d'amélioration de Clermont-Ferrand et le GIE triticales.

FEVEROLE : Intégration des caractères de faibles teneurs en facteurs nutritionnels (tanins,

vicine, convicine) et de forte teneur en protéine dans des fonds génétiques de féverole de printemps ayant une bonne productivité et une résistance à *Fusarium* sp. Maintien d'une collection importante et originale de ressources génétiques.

Mots-clés Triticum aestivum ; blé tendre ; caractérisation du milieu ; résistance au froid ; expérimentation variétale ; Vicia faba ; féverole ; protéine ; facteur nutritionnel ; tanin ; vicine ; convicine ; alimentation animale ; ressource génétique

Activité Maîtrise de la culture in vitro (pois, Medicago)

Résumé L'ensemble des biotechnologies végétales sont utilisées afin d'étudier les mécanismes physiologiques et génétiques intervenant dans le développement in vitro de différentes espèces (*Lathyrus*, *Allium*, *Asparagus*, *Brassica*, *Artemisia*) pour l'accroissement de la variabilité génétique, la production de géniteurs homozygotes, la caractérisation des plantes régénérées, l'analyse de la compétence à la régénération, et la compréhension de la physiologie de la maturation (graines et organes de réserve).

Mots-clés in vitro ; micropropagation ; cal ; protoplaste ; régénération ; haploïdie ; embryogenèse ; sélection in vitro ; hybridation somatique ; transformation génétique ; cytométrie en flux ; isoenzyme ; ressource génétique ; *Lathyrus* ; *Allium* ; *Asparagus* ; *Brassica* ; *Artemisia* ; gesse ; oignon ; ail ; asperge ; moutarde ; estragon ; betterave ; châne ; oignon ; asperge ; moutarde

UR 1052 Unité de Génétique et amélioration des fruits et légumes

Activité Connaissance de la diversité génétique et gestion optimisée des collections (solanacées, laitue, melon, Prunus)

UR 1103 Unité Génétique et écophysologie de la qualité des agrumes

Activité Gestion et valorisation de la diversité génétique et agronomique des agrumes

Résumé A partir d'une collection regroupant plus de 600 cultivars d'agrumes des principales espèces de Rutacées, un premier axe de recherche s'articule autour de la caractérisation des ressources génétiques et de la gestion de l'information pour la connaissance de l'organisation génétique des agrumes, pour définir des méthodologies pour la sélection et la création variétale, conserver, assainir et diffuser les ressources génétiques (collection d'environ 1300 accessions). L'ensemble des informations recueillies (phénotypiques, moléculaires et biochimiques) concernant la caractérisation variétale alimente EGID (Evaluation et Gestion Informatique de la Diversité génétique) qui est un SGBD conçu à la SRA. Cet ensemble de logiciels constitue également la tête d'un réseau international d'information sur les ressources

génétiques agrumes.

Le second axe de recherche concerne l'élaboration et la gestion agronomique de la qualité des agrumes, en particulier la clémentine. Cela intègre à la fois la connaissance des processus d'élaboration de certaines composantes de la qualité (teneurs en sucres et en acides, calibre) et l'élaboration d'indicateurs nécessaires à la conduite raisonnée du verger.

Mots-clés gestion informatique ; agrume ; pomologie ; descripteur ; taxonomie ; banque de données ; ressource génétique ; qualité du fruit ; floraison ; pratique culturale ; protection intégrée ; Citrus reticulata ; Citrus

UR 254 Unité de Génétique et amélioration des plantes

Activité Ressources génomiques, biologiques et informatiques (collection de lignées d'insertion d'ADN-T chez Arabidopsis)

Résumé Création et gestion d'une collection de lignées d'insertion d'ADN-T chez Arabidopsis (F. Granier, G. Pelletier, M. Simon)

Gestion de la collection de lignées d'insertion d'ADN-T chez Arabidopsis, criblage phénotypique, génétique inverse, production et publication de FST (jusqu'en 2005) en relation avec URGV d'Evry.

Etude des mécanismes de la transformation in planta pour envisager son application à d'autres espèces.

Activité Ressources génomiques, biologiques et informatiques (synténie Arabidopsis/colza/pois et Medicago/pois)

Résumé Synténie moléculaire et génétique entre *A.thaliana*, *M. truncatula* et les dicotylédones d'intérêt agronomique :

Développement de marqueurs génétiques consensus (A.C.G.M. Amplified Consensus Genetic Markers) de gènes homologues présents chez des espèces d'une même famille taxonomique. Site Web : <http://www.inra.fr/Internet/Produits/acgm/>

Marqueurs bien adaptés à l'établissement de "ponts" entre les cartes génétiques (colza; chou, navette, Arabidopsis d'une part, *M. truncatula* et pois d'autre part). Développement en cours pour la production de SNP chez le colza et Arabidopsis en relation avec le CNG à Evry ((D. Brunel, C. Camilleri, C. Rameau, E. Téoulé) .

UR 419 Unité de recherches sur les Espèces fruitières et la vigne

Activité Ressources génétiques Prunus, Castanea, Juglans

- Résumé** 1 - Préservation, évaluation, et enrichissement des collections Prunus, Juglans et Castanea. Ce travail est complété par une analyse de la structuration de la diversité génétique au moyen d'outils de biologie moléculaire.
- 2 - Etude des relations phylogéniques entre les différentes espèces des sous-genres Cerasus et Prunophora appartenant au genre Prunus.
- L'UREFV est tête de réseau du Centre de Ressources Biologiques "Prunus" (CRB - Prunus) au niveau français (13 partenaires)
- Mots-clés** biodiversité ; rosacées ; Prunus ; Juglans ; Castanea ; phylogénie ; synténie ; base de données

UR 979 Unité de recherches en Productions végétales

Activité Bases génétiques, physiologiques et moléculaires de la résistance aux bioagresseurs (tomate/Bemisia-begomovirus, igname/anthracnose)

- Résumé** Les programmes de cette activité s'organisent autour de trois objectifs :
- OR1- Comprendre l'organisation sur le génome des facteurs de résistance par famille de bioagresseurs
 - OR2- Comprendre le mode d'action de ces résistances, repérer les modes spécifiques et aspécifiques
 - OR3- Proposer des constructions génétiques des résistances, raisonnées pour une meilleure durabilité
- Trois pathosystèmes sont étudiés dans cette optique et les stratégies mises en oeuvre sont particulières à chacun d'eux.
- Mots-clés** ravageur ; pathogène ; virus phytopathogène ; insecte phytophage ; génétique des populations ; relation plante-insecte ; résistance aux maladies ; sélection variétale ; création variétale ; gène de résistance ; ressource génétique ; légume tropical ; melon ; tomate ; cucurbitacée ; protection intégrée ; gestion des risques

Activité Connaissance de la diversité génétique et gestion des ressources phylogénétiques tropicales (maïs, igname)

- Résumé** Les programmes de cette activité s'organisent autour de trois objectifs :
- OD1 - Inventorier, définir une stratégie de collecte des ressources locales et documenter les collections.
 - OD2 - Comprendre l'organisation de la diversité et la dynamique de son évolution.
 - OD3 - Optimiser les méthodes de gestion et d'utilisation des ressources génétiques.

Activité Epidémiologie, gestion des risques sanitaires dans les agrosystèmes tropicaux

Résumé L'objectif commun de cette activité est de maîtriser les interactions entre génotypes et bioagresseurs dans les systèmes de culture, en zone tropicale humide. Les objectifs plus spécifiques sont :

OE1- Rechercher les facteurs-clés du développement des épidémies ou des populations de bioagresseurs et auxiliaires.

OE2- Construire des modèles de développement des épidémies et pullulations selon les paramètres écologiques du milieu, et les conditions agroenvironnementales à la parcelle, afin de prévoir les situations à risque.

OE3- Construire et évaluer des méthodes de protection intégrée.

Selon les modèles étudiés, le niveau d'approche et la stratégie différeront.

Mots-clés protection intégrée ; épidémiologie ; gestion des risques ; agrosystème ; biodiversité ; itinéraire technique ; caractérisation moléculaire ; statistique ; modélisation ; ravageur ; pathogène ; tomate ; igname ; cucurbitacée ; colletotrichum ; bemisia ; fusarium ; begomovirus

Mathématiques et informatique appliquées

UMR 729 Unité mixte de recherche Analyse des systèmes et biométrie

Activité Mathématiques de la gestion des ressources renouvelables

Résumé Cette activité d'intéresse aux problèmes de méthodologies de conduite ou de gestion posés par toutes les formes d'interaction avec des ressources renouvelables d'intérêt agronomique ou assimilé. Deux problématiques fondamentales sont considérées, qui donnent lieu aux deux sous-programmes suivants :

- . "Préservation et Reconstitution des Ressources" (SP1)
- . "Exploitation Raisonnée" (SP2)

Les recherches menées dans cette activité portent sur le développement d'outils mathématiques et informatiques, pour l'observation, l'analyse, la modélisation et le contrôle des différents types de systèmes dynamiques rencontrés dans ces problèmes de conduite ou de gestion.

Mots-clés système dynamique ; automatique ; statistique des processus ; statistique bayésienne ; modélisation ; contrôle ; contrôle robuste ; contrôle optimal ; contrôle multivariable ; contrôle stochastique ; contrôle prédictif ; théorie de la viabilité ; théorie des jeux ; théorie de la décision ; réseau de neurones ; observateur ; filtrage ; capteur logiciel ; génie des procédés ; dépollution biologique ; gestion des ressources renouvelables

Microbiologie et chaîne alimentaire

UMR 1163 Unité mixte de recherche Biotechnologie des champignons filamenteux

Activité Construction de souches génétiquement stables hyperproductrices d'enzymes par la génétique formelle et étude de l'expression des gènes d'intérêt et approche structurale

Résumé Les ressources génétiques du monde fongique sont devenues un enjeu industriel stratégique majeur. La recherche d'enzymes ou de voies métaboliques originales permettant la transformation orientée de composés végétaux à structure aromatique est réalisée par criblage de souches fongiques appartenant essentiellement au groupe des basidiomycètes. L'amélioration des souches sélectionnées s'effectue par :

- une approche non-OGM (par la génétique formelle) permettant la construction de souches fongiques monocaryotiques génétiquement stables et hyperproductrices
- une approche OGM : les gènes de basidiomycètes codant pour les enzymes d'intérêt sont surexprimés dans des souches industrielles d'*Aspergillus*

Mots-clés champignon filamenteux ; enzyme ; surexpression ; génétique formelle ; ressource génétique

UMR 1238 Unité mixte de recherche Microbiologie et génétique moléculaire

Activité Biodiversité des levures

Résumé La thématique centrale concerne la biodiversité des levures, en particulier par l'analyse de leur génome.

- L'équipe "Génomique comparée" étudie les génomes des levures hémiascomycètes et coordonne deux programmes de séquençage exhaustif (*Yarrowia lipolytica* et *Debaryomyces hansenii*); elle est associée à l'analyse d'autres génomes (*Candida glabrata* et *Kluyveromyces lactis*) et poursuit l'analyse post-génomique du métabolisme des purines chez la levure *Schizosaccharomyces pombe*.
- L'équipe "Typage et Collection de Levures d'intérêt Biotechnologique" est rattachée à cette thématique et développe, en dehors d'activités de service liées à la collection, des outils moléculaires d'identification rapide et de typage des levures d'intérêt alimentaire.
- L'équipe "Valorisation des levures d'intérêt Biotechnologique" met à profit les retombées de la génomique pour l'analyse de l'écophysiologie des levures d'affinage des fromages, en développant des approches transcriptomiques et de suivi des populations levuriennes au sein de flores complexes.

Mots-clés levure ; structure du génome ; génomique comparée ; post génomique ; biologie moléculaire ; génétique ; séquence ; *Yarrowia lipolytica* ; *Debaryomyces hansenii* ; *Kluyveromyces lactis* ; *Saccharomyces bayanus* ; transposon ; biotechnologie ; Industrie agro-alimentaire ; oenologie ; industrie brassicole ; flore d'affinage des fromages ; typage moléculaire

UR 1264 Unité de recherche Mycologie et sécurité des aliments

Activité Génétique et amélioration des champignons comestibles

- Résumé** L'activité vise à développer la sélection variétale chez les champignons comestibles et par extension aux basidiomycètes ayant une application potentielle (industrie, santé, etc...). L'application aux champignons de méthodes utilisées pour les plantes est la base de nos programmes, mais la recherche d'éléments spécifiques aux champignons est une composante originale. Plusieurs thèmes composent ce programme; identification et analyse des ressources génétiques pour une espèce donnée, détermination des modes de reproduction et contrôle génétique de ceux ci, cartographie et marquage génétiques avec application à la sélection assistée par marqueurs, sources de diversité et fonctionnement des meïoses ou pseudo-meïoses, etc...
- L'accent est mis sur le champignon de couche, *Agaricus bisporus*, espèce économiquement importante, mais aussi bon modèle d'études fondamentales. L'objet de la sélection est ciblé sur la résistance aux parasites, ce qui conduit à analyser plus finement les mécanismes d'interactions entre champignons et autres microorganismes, bactéries ou autres champignons. Outre la création de variétés résistantes, les retombées de ce programme peuvent, par la connaissance de mécanismes, contribuer à des applications en lutte biologique contre les ennemis des plantes. La démarche est actuellement appliquée à d'autres champignons comestibles, comme le shii take, souvent agressé par des *Trichoderma*.
- Mots-clés** filière fruits et légumes ; champignon comestible ; amélioration des plantes ; génétique ; ressource génétique ; marquage moléculaire ; sélection variétale ; résistance aux maladies ; enzyme fongique ; mycorhize ; *Agaricus bisporus* ; champignon de couche ; *Lentinula* ; *Pleurotus* ; *Lepista nuda* ; truffe ; cèpe ; *Verticillium* ; *Pseudomonas* ; *Trichoderma*

UR 545 Laboratoire de Recherches fromagères

Activité Écosystèmes microbiens des aliments d'origine animale - Maîtrise de la qualité et de l'hygiène des fromages AOC. Biodiversité des flores et interactions microbiennes

- Résumé** Afin de garantir la sécurité sanitaire des fromages au lait cru et préserver la diversité de leurs caractéristiques sensorielles, les travaux de recherches portent sur :
- l'incidence des pratiques d'élevage et en particulier l'effet de l'alimentation sur les caractéristiques sensorielles et nutritionnelles des fromages en collaboration avec d'autres unités expérimentale et de recherches du centre INRA de Clermont-Theix.
 - l'étude des communautés microbiennes afin de montrer comment la diversité des flores microbiennes aux différents stades de la transformation (traite, fabrication, affinage) peut, d'une part exercer un effet de barrière vis à vis des flores pathogènes, d'autre part contribuer à la spécificité sensorielle des fromages. La structure globale et dynamique de ces communautés microbiennes est étudiée pour être corrélée à la diversité sensorielle et aromatique des fromages. Elle est abordée par des approches moléculaires reposant sur une identification phénotypique et génomiques des isolats parallèlement à une analyse directe de la population microbienne sans culture des micro-organismes.
 - la compréhension des mécanismes d'interaction entre les flores d'intérêt technologique et les bactéries pathogènes (*Listeria monocytogenes* et *Staphylococcus aureus*) dans les fromages..
- Mots-clés** qualité sanitaire ; qualité organoleptique ; écologie microbienne ; *Listeria monocytogenes* ; *Staphylococcus aureus* ; levure ; bactérie lactique ; bactérie d'affinage ; SSCP ; fromage AOC ; sonde oligonucléotidique ; typage moléculaire ; interaction microbienne

Activité Nématodes et traitements anthelminthiques : résistance et biodiversité

Résumé Les approches de génétique des populations sont absentes au sein du département de Santé animale, et leur introduction sur un problème au mécanisme moléculaire simple offre de nombreux avantages. Nous avons donc retenu la résistance aux benzimidazoles comme activité. Le mécanisme repose pour l'essentiel sur une mutation ponctuelle du gène de la β -tubuline. Nous avons mis au point des outils moléculaires de détection par PCR nichée. Nous avons ensuite tenté de préciser le mode de dissémination du gène de résistance (avec les outils de la génétique des populations) et les facteurs de sélection des mutants résistants, tant en conditions expérimentales que naturelles.

Mots-clés résistance ; benzimidazole ; génétique des populations

Physiologie animale et systèmes d'élevage

UMR 868 Unité mixte de recherche d'Élevage des ruminants en régions chaudes

Activité Élaboration des performances et conduites d'élevage en milieux difficiles

Résumé Les systèmes extensifs d'élevage de ruminants des zones méditerranéennes et tropicales reposent sur des ressources alimentaires variables au cours du temps (Cf Activité 985). Dans ces situations, l'activité de recherche porte sur les interactions entre les aspects nutritionnels, d'une part, et les fonctions biologiques impliquées dans la production : lactation, croissance et reproduction, d'autre part. Il est essentiel de comprendre, dans ces milieux difficiles, comment s'élaborent les performances animales. Les études conduites au niveau de l'animal, à l'échelle du troupeau et/ou d'un territoire, permettent de mesurer les conséquences des contraintes du milieu sur les différentes composantes de la production animale. La formalisation des relations entre performances et milieu s'appuie sur la modélisation. Cette démarche s'inscrit dans la logique de maîtrise des risques pour les animaux et de durabilité des systèmes d'élevage en milieux difficiles.

Mots-clés : ruminants, ovins, bovins, élevage, performances animales, production laitière, croissance, état corporel, lipides corporels, physiologie, endocrinologie, nutrition, modélisation, méditerranée, tropiques.

Mots-clés production zootechnique ; élevage extensif ; gestion des risques ; exploitation des parcours ; alimentation ; ingestion ; digestion ; réserve corporelle ; reproduction ; complémentation ; prolificité ; aptitude maternelle ; ration ; valeur nutritive ; composition chimique ; relation plante-animal ; zone méditerranéenne ; chèvre ; brebis ; relation élevage-biodiversité

UR 1037 Station commune de recherches en Ichtyophysiologie, biodiversité et environnement

Activité Cryoconservation de l'ichtyodiversité et des ressources génétiques piscicoles

Résumé En complément à la démarche à long terme des écologistes, qui recherchent la préservation de l'équilibre des populations de poissons dans des écosystèmes protégés ou restaurés, cette activité a pour objectif finalisé de répondre à des problèmes de sauvegarde urgente de l'ichtyodiversité (diversité des poissons), en application du principe de précaution. Son approche vise à acquérir, en amont, la connaissance de l'ichtyodiversité permettant le choix objectif des espèces en danger à préserver, et en aval, à mettre au point un outil de conservation de leur génome dans l'attente d'une réintroduction dans un milieu naturel redevenu favorable. Par ailleurs, les recherches sur la cryoconservation trouvent aussi leur finalité en aquaculture avec la nécessité de préserver dans le cadre de cryo-conservatoires les génomes de l'ensemble des souches, sauvages, domestiquées et sélectionnées, des espèces aquacoles, en parallèle au développement de la sélection génétique.

Mots-clés biodiversité ; poisson ; taxon ; systématique ; Guyane française ; conservation ; congélation ; sperme ; embryon ; blastomère ; fibroblaste ; chimère

Activité Mécanisme et rôle de la dispersion dans la dynamique des populations de rongeurs et d'oiseaux

Résumé Les opérations de recherche de cette équipe, constituée de deux chercheurs et d'un ingénieur, sont, depuis sa fondation en 1992, focalisées sur la recherche du rôle joué par des espèces ou des peuplements de mammifères et d'oiseaux sauvages, à valeur patrimoniale ou considérés comme " nuisibles ", dans le fonctionnement d'écosystèmes qui ont été, sont, ou seront le siège de profondes modifications liées à l'activité humaine. Cette recherche est menée dans la perspective de mettre au point des outils de gestion et d'aide à la décision. Parmi les objectifs de gestion privilégiés : la conservation de la Biodiversité in situ, la Biodiversité étant considérée ici comme une ressource devant être intégrée dans des schémas de développement durable. Les deux écosystèmes sur lesquels portent les actuels travaux de l'équipe sont les écosystèmes insulaires et les écosystèmes urbains.

Mots-clés micromammifère ; oiseau ; rongeur ; insectivore ; *Rattus norvegicus* ; *Crocidura* sp ; *Sturnus vulgaris* ; milieu insulaire ; milieu urbain ; agroécosystème ; ravageur ; biologie de la ; dispersion ; biologie des populations ; surmulot ; lutte antiravageur ; étourneau ; biodiversité ; introduction d'animaux ; parasite

Santé animale

UR 86 Unité Bioagresseurs, santé, environnement

Activité Nématodes et traitements anthelminthiques : résistance et biodiversité

Résumé Les approches de génétique des populations sont absentes au sein du département de Santé animale, et leur introduction sur un problème au mécanisme moléculaire simple offre de nombreux avantages. Nous avons donc retenu la résistance aux benzimidazoles comme activité. Le mécanisme repose pour l'essentiel sur une mutation ponctuelle du gène de la betatubuline. Nous avons mis au point des outils moléculaires de détection par PCR nichée. Nous avons ensuite tenté de préciser le mode de dissémination du gène de résistance (avec les outils de la génétique des populations) et les facteurs de sélection des mutants résistants, tant en conditions expérimentales que naturelles.

Mots-clés résistance ; benzimidazole ; génétique des populations

Santé des plantes et environnement

UMR 1088 Unité mixte de recherche Plante - microbe - environnement : biochimie, biologie cellulaire et écologie

Activité **Génomique fonctionnelle et physiologie des interactions plantes/micro-organismes bénéfiques**

Résumé La presque totalité des plantes cultivées et de nombreuses essences forestières ne forment pas des racines sensu stricto, mais des mycorhizes à arbuscules (MA) ainsi appelées à cause des structures fongiques (arbuscules) que les champignons symbiotiques (Glomales) forment à l'intérieur des cellules de la racine, et qui sont le site d'échanges nutritionnels entre les deux symbiotes. Parallèlement à ce développement endocellulaire, les champignons développent un vaste réseau d'hyphes dans le sol et, par conséquent, constituent une interface de première importance entre le sol et la plante en intervenant dans plusieurs processus clés de la vie des plantes (développement, nutrition minérale, protection vis-à-vis des stress abiotiques et biotiques) et de l'écosystème (flux d'éléments et conservation de la structure des sols). Cependant, les pratiques culturales peuvent affaiblir et/ou altérer les populations de champignons mycorrhizogènes. Or, l'évolution vers une agriculture durable passe obligatoirement par une utilisation de ces symbiotes de racines, seuls ou en association avec d'autres micro-organismes telluriques bénéfiques. Un tel objectif implique d'une part de savoir maîtriser le développement et le fonctionnement des champignons mycorrhizogènes, et d'autre part de connaître les programmes génétiques et cellulaires qui régissent les symbioses qu'ils forment. Ainsi, nos recherches ont pour objectifs : (i) de définir les programmes cellulaires des interactions plante-champignons MA pour mieux comprendre les mécanismes en jeu et dessiner les marqueurs moléculaires du fonctionnement, et (ii) d'exploiter les processus biologiques impliqués pour favoriser la mise en place de systèmes de production végétale plus respectueux de l'environnement.

Mots-clés Mycorhizes à arbuscules ; symbioses racinaires ; *Medicago truncatula* ; Glomales ; transcriptome ; protéome ; gènes de symbiose ; génome fongique ; marqueurs moléculaires ; biotechnologie ; ressources génétiques ; inoculum ; biotisation ; plantes cultivées ; agroécosystèmes ;

UMR 1095 Unité mixte de recherche Amélioration et santé des plantes

Activité **Connaissance de la diversité génétique et gestion optimisée des collections chez les graminées à chaumes (blé, orge, triticale, avoine, ray-grass) et chez quelques champignons symbiotiques (truffes, endophytes des graminées)**

Résumé Les ressources génétiques sont l'un des points clés de l'amélioration des plantes. Nous voulons évaluer et décrire les ressources génétiques d'une large collection de céréales par les moyens classiques de l'analyse phénotypique mais aussi ceux de la génomique moderne. Ceci doit amener à la création de collections noyaux représentatives à partir desquelles il sera plus efficace de rechercher des caractères relativement rares ou des allèles intéressants.

Mots-clés ressource génétique ; maintien ; gestion ; évaluation agronomique ; collection noyau ; blé ; orge ; triticale ; avoine ; céréale ; ray-grass ; phylogénie ; marqueur moléculaire ; génotypage ; biodiversité ; évolution

Activité Ressources génomiques, biologiques et informatiques (graminées à chaume)

Résumé L'équipe a pour principale mission de développer des outils de la génomique principalement sur le blé tendre. Ces outils pourront irriguer l'ensemble des laboratoires intéressés à la connaissance des différents déterminants génétiques pour des caractères d'intérêt et permettant d'aborder l'analyse de la structure des génomes complexes comme les polyploïdes. Dans une forte implication à l'initiative Génoplante, nous sommes intéressés au développement de nouveaux marqueurs tel les microsatellites et SNPs.

Mots-clés blé ; riz ; marqueur ; RPLP ; microsatellite ; cartographie ; clonage ; QTL ; transgénèse

UMR 1099 Unité mixte de recherche Biologie des organismes et des populations appliquée à la protection des plantes

Activité Biologie des nématodes à kyste

Résumé Hérité de la virulence des Globodera sur Pommes de terre. Hérité de la virulence d'Heterodera avenae sur orge. Etude de la virulence d'H.schachtii sur betterave. Etude de différents marqueurs moléculaires correspondant (locus isoenzymatiques, microsatellites, profils RAPD, protéines 2D).

Mots-clés nématode ; betterave ; crucifère ; solanacées ; plante céréalière ; dynamique des populations ; phylogénie ; virulence ; diversité génétique ; diversité biologique ; relation plante hôte

Activité Biologie des populations d'insectes

Résumé Un marqueur SCAR du cycle biologique a été obtenu chez le puceron R.padi et sera appliqué à des populations récoltées sur le terrain et capturées au réseau AGRAPHID. On a des marqueurs caractéristiques de souches de E.neoaphidis différant par leur pathogénie. La variabilité de vection des BYDV est intensément étudiée chez les pucerons des céréales. On a caractérisé un isolat non transmissible de PLRV.

Mots-clés puceron ; diptère ; lépidoptère ; virus ; céréale ; Solanum ; dynamique des populations ; marqueur ; diversité biologique ; diversité génétique ; cycle biologique ; déterminisme génétique ; entomophthorale ; parasitoïde

UMR 1131 Unité mixte de recherche Santé de la vigne et qualité du vin

Activité Caractérisation génétique, propriétés physiologiques et biodiversité des levures : fermentation, arômes

Résumé Caractérisation génétique et propriétés physiologiques des levures oenologique La levure de boulangerie

connus. C'est le premier dont le génome a été séquencé en totalité.

La très grande majorité des données biochimiques et génétiques disponibles sur la levure ont été obtenues à partir de souches sélectionnées dans un petit nombre de laboratoires, ce qui explique qu'elles possèdent un fond génétique étroit. Cependant, entre deux souches de laboratoires génétiquement proches, telles X2180 et FL100, des différences importantes existent sur le plan physiologique, manifestant des différences dans l'expression des gènes.

Les levures sauvages ont été peu étudiées, en particulier à cause de leur instabilité génétique et de leur caractère homothallique. L'Université de Haute Alsace (IUT Génie Biologique) et l'INRA de Colmar ont constitué depuis plusieurs années une collection importante de levures sauvages, à partir du vignoble et des chais. L'analyse génétique entreprise pour structurer les collections a permis de révéler une importante diversité génétique.

L'objectif des recherches est d'étudier les caractéristiques génétiques et phénotypiques de ces levures sauvages par comparaison aux levures de laboratoire, afin d'approfondir les connaissances sur le métabolisme, et la stabilité génétique.

La résistance à l'acidité en relation avec les lipides membranaires sera plus particulièrement étudiée.

Mots-clés levures sauvages ; levures de laboratoire ; résistance à l'acidité

Activité Connaissance de la diversité et gestion optimisée de collections de clones chez la vigne

Activité Innovation variétale et diversification chez la vigne : création de variétés et de lignées ; sélection clonale

Résumé création variétale hybridation entre géniteurs de résistance d'origine Muscadinia ou Vitis et les variétés cultivées de vinifera

Mots-clés amélioration génétique ; ressource génétique ; vigne ; zone septentrionale

UMR 1229 Unité mixte de recherche Microbiologie et géochimie des sols

Activité Biodégradation et impacts des pesticides sur la flore bactérienne du sol

Résumé Les objectifs sont : i) caractériser les mécanismes d'adaptation des communautés microbiennes telluriques conduisant à la mise en place du phénomène de biodégradation accélérée (BDA), ii) caractériser le fonctionnement des communautés microbiennes dégradant des pesticides en évaluant leur taille, diversité et activité iii) déterminer les

paramètres environnementaux (rhizosphère, drillosphère?) influençant le fonctionnement des communautés dégradant des pesticides, iv) proposer des solutions de bioremediation (i) de sites pollués et (ii) d'effluents de traitements BIOBAC).

Mots-clés biodégradation ; pesticide ; atrazine ; isoproturon ; 2,4-D ; communauté microbienne ; potentiel génétique dégradant ; expression du potentiel génétique dégradant ; activité dégradante ; bioremédiation ; pesticide ; microflore du sol ; biodégradation ; métabolisme ; dégradation accélérée ; cinétique ; dynamique des populations ; modélisation ; adaptation ; communauté dégradante ; biodiversité ; plasmide ; biodisponibilité ; oligotrophie ; facteur milieu ; activité microbienne

Activité Écologie des populations bactériennes symbiotiques fixatrices d'azote. Maîtrise de l'inoculation du sol et des semences

Résumé Les activités de l'équipe visent à acquérir des connaissances sur la diversité et l'écologie des rhizobia, symbiotes fixateurs d'azote atmosphérique des légumineuses, et les exploiter pour améliorer la fixation biologique de l'azote atmosphérique (FBN) et accroître son utilisation pour la production de plantes protéagineuses et/ou oléagineuses

Mots-clés Rhizobium ; Bradyrhizobium ; Sinorhizobium ; bactérie tellurique ; sol ; rhizosphère ; légumineuses ; Pisum sativum ; pois ; Vicia faba ; féverole ; Phaseolus vulgaris ; haricot ; Glycine max ; soja ; Lupinus ; lupin ; Medicago sativa ; luzerne ; fixation symbiotique de l'azote atmosphérique ; nutrition azotée ; nodulation ; nodosités ; compétition pour la nodulation ; compétence rhizosphérique ; diversité génétique ; génotypage ; populations bactériennes ; communautés rhizosphériques ; génotype végétal ; spécificité d'hôte ; taxonomie ; phylogénie ; marqueurs moléculaires ; gènes nod ; facteurs Nod ; flavonoïdes ; inoculum ; qualité des inoculum ; méthode d'inoculation ; cytométrie en flux ; sérologie ; impact des pratiques culturales ;

UMR 203 Unité mixte de recherche Biologie fonctionnelle, insectes et interactions

Activité Physiologie des interactions chez les insectes

Résumé Les insectes forment, parmi tous les animaux, le groupe qui compte le plus grand nombre d'espèces. Parallèlement à cette extrême diversité, près de la moitié des espèces d'insectes actuellement décrites se nourrissent sur des plantes et causent ainsi des ravages pouvant se traduire par des pertes graves pour les cultures. L'utilisation d'insecticides chimiques pour le contrôle de ces insectes ravageurs des plantes cultivées génère de graves inconvénients, tant pour l'environnement que pour la santé humaine. Ceux-ci pourraient être largement réduits, voire supprimés dans certains cas, par l'extension des méthodes de lutte biologique (accroissement de la résistance des plantes, utilisation d'ennemis naturels contre ces insectes ravageurs) ou par la découverte de cibles métaboliques spécifiques ouvrant des pistes nouvelles de lutte. Les recherches conduites dans cette activité essentiellement aux plans génétique et

physiologique portent sur l'analyse des interactions complexes entre les insectes et leurs symbiotes, leurs parasites ou les plantes. Les modèles étudiés concernent des insectes phytophages ravageurs des denrées stockées (charançons), des insectes phytophages de type piqueur-suceur se nourrissant exclusivement de la sève phloémienne des plantes (pucerons) et des insectes entomophages utilisés en lutte biologique, comme des parasitoïdes qui se développent dans les oeufs d'autres insectes (trichogrammes) ou des prédateurs qui consomment d'autres insectes (coccinelles). Les connaissances acquises sur la physiologie de ces insectes contribuent à une approche intégrée de la protection des plantes contre les insectes ravageurs pour le développement d'une agriculture durable, respectueuse de l'environnement et de la santé humaine.

Mots-clés insecte ; entomophage ; parasitoïde ; prédateur ; Aphididae ; Curculionidae ; Trichogrammatidae ; Coccinellidae ; puceron ; charançon ; trichogramme ; coccinelle ; résistance aux insectes ; interaction plante-insecte ; interaction hôte-symbiote ; interaction hôte-parasitoïde ; lutte biologique ; lutte variétale ; protéine ; peptide ; plante transgénique ; entomotoxine ; bactérie symbiotique ; symbiose ; endocytobiose ; Buchnera ; Wolbachia ; transport ; signalisation ; biosynthèse ; transcriptomique ; puce à ADN ; systématique ; génétique ; biodiversité ; nutrition ; métabolisme ; élevage ; milieu d'élevage ; aliment artificiel ; Trichogramma ; Acyrthosiphon pisum ; Aphis gossypii ; Sitophilus

UMR 406 Unité mixte de recherche **Écologie des invertébrés**

Activité Interactions biocoenotiques

Mots-clés arthropode ; auxiliaire ; verger ; environnement ; corrélation ; analyse multivariable ; biocénose ; biodiversité

UMR 441 Unité mixte de recherche des **Interactions plantes-microorganismes**

Activité Génétique et étude des variations naturelles de *Medicago truncatula*

Résumé *Medicago truncatula* est une légumineuse fourragère adoptée comme plante-modèle et qui est spontanée dans tout le Bassin Méditerranéen. Un fort niveau de diversité se rencontre entre et au sein des populations naturelles. L'objectif du groupe est de décrire cette variabilité naturelle afin d'identifier et de cloner des gènes d'intérêt agronomique (floraison, résistance aux agents pathogènes, tolérance aux stress abiotiques?). Pour atteindre cet objectif, (1) nous développons des outils génétiques (création de Lignées Recombinantes et de Lignées d'introgession, cartes génétiques) et moléculaires (marqueurs microsatellites). (2) nous établissons des collaborations avec des groupes en Algérie et en Tunisie afin d'avoir accès aux Ressources Génétiques locales et d'en décrire la diversité.

Mots-clés carte génétique ; légumineuses ; biodiversité ; génétique

UR 1264 Unité de recherche Mycologie et sécurité des aliments

Activité Génétique et amélioration des champignons comestibles

Résumé L'activité vise à développer la sélection variétale chez les champignons comestibles et par extension aux basidiomycètes ayant une application potentielle (industrie, santé, etc...). L'application aux champignons de méthodes utilisées pour les plantes est la base de nos programmes, mais la recherche d'éléments spécifiques aux champignons est une composante originale. Plusieurs thèmes composent ce programme; identification et analyse des ressources génétiques pour une espèce donnée, détermination des modes de reproduction et contrôle génétique de ceux ci, cartographie et marquage génétiques avec application à la sélection assistée par marqueurs, sources de diversité et fonctionnement des meïoses ou pseudo-meïoses, etc...
L'accent est mis sur le champignon de couche, *Agaricus bisporus*, espèce économiquement importante, mais aussi bon modèle d'études fondamentales. L'objet de la sélection est ciblé sur la résistance aux parasites, ce qui conduit à analyser plus finement les mécanismes d'interactions entre champignons et autres microorganismes, bactéries ou autres champignons. Outre la création de variétés résistantes, les retombées de ce programme peuvent, par la connaissance de mécanismes, contribuer à des applications en lutte biologique contre les ennemis des plantes. La démarche est actuellement appliquée à d'autres champignons comestibles, comme le shii take, souvent agressé par des *Trichoderma*.

Mots-clés filière fruits et légumes ; champignon comestible ; amélioration des plantes ; génétique ; ressource génétique ; marquage moléculaire ; sélection variétale ; résistance aux maladies ; enzyme fongique ; mycorhize ; *Agaricus bisporus* ; champignon de couche ; *Lentinula* ; *Pleurotus* ; *Lepista nuda* ; truffe ; cèpe ; *Verticillium* ; *Pseudomonas* ; *Trichoderma*

UR 921 Unité nationale séricicole

Activité Installation expérimentale : maintien et obtention de lignées de vers à soie, *Bombyx mori*, génétiquement stables. Maintien d'une collection de mûriers

Résumé Une collection de lignées de vers à soie génétiquement caractérisées (60 lignées environ) est maintenue à l'UNS. Ces lignées sont porteuses de caractères phénotypiques ou physiologiques particuliers: voltinisme, marquage des larves ou des cocons, parthénogénèse... D'autres lignées sont conservées pour leur intérêt séricicole: fécondité, fertilité, richesse soyeuse, longueur du fil ... De nouvelles lignées sont intégrées en continu par sélection et/ou hybridation: lignées transgéniques, clones parthénogénétiques, lignées résistantes à certains facteurs biotiques ou abiotiques ...

DE plus, l'UNS maintient une collection de 70 variétés de mûriers.

Mots-clés sériciculture ; *Bombyx mori* ; ver à soie ; génétique ; sélection

UR 979 Unité de recherches en Productions végétales

Activité Bases génétiques, physiologiques et moléculaires de la résistance aux bioagresseurs (tomate/Bemisia-begomovirus, igname/anthracnose)

Résumé Les programmes de cette activité s'organisent autour de trois objectifs :
OR1- Comprendre l'organisation sur le génome des facteurs de résistance par famille de bioagresseurs
OR2- Comprendre le mode d'action de ces résistances, repérer les modes spécifiques et aspécifiques
OR3- Proposer des constructions génétiques des résistances, raisonnées pour une meilleure durabilité
Trois pathosystèmes sont étudiés dans cette optique et les stratégies mises en oeuvre sont particulières à chacun d'eux.

Mots-clés ravageur ; pathogène ; virus phytopathogène ; insecte phytophage ; génétique des populations ; relation plante-insecte ; résistance aux maladies ; sélection variétale ; création variétale ; gène de résistance ; ressource génétique ; légume tropical ; melon ; tomate ; cucurbitacée ; protection intégrée ; gestion des risques

Activité Connaissance de la diversité génétique et gestion des ressources phytogénétiques tropicales (maïs, igname)

Résumé Les programmes de cette activité s'organisent autour de trois objectifs :
OD1 - Inventorier, définir une stratégie de collecte des ressources locales et documenter les collections.
OD2 - Comprendre l'organisation de la diversité et la dynamique de son évolution.
OD3 - Optimiser les méthodes de gestion et d'utilisation des ressources génétiques.

Activité Épidémiologie, gestion des risques sanitaires dans les agrosystèmes tropicaux

Résumé L'objectif commun de cette activité est de maîtriser les interactions entre génotypes et bioagresseurs dans les systèmes de culture, en zone tropicale humide. Les objectifs plus spécifiques sont :
OE1- Rechercher les facteurs-clés du développement des épidémies ou des populations de bioagresseurs et auxiliaires.
OE2- Construire des modèles de développement des épidémies et pullulations selon les paramètres écologiques du milieu, et les conditions agroenvironnementales à la parcelle, afin de prévoir les situations à risque.
OE3- Construire et évaluer des méthodes de protection intégrée.
Selon les modèles étudiés, le niveau d'approche et la stratégie différeront.

Mots-clés protection intégrée ; épidémiologie ; gestion des risques ; agrosystème ; biodiversité ; itinéraire technique ; caractérisation moléculaire ; statistique ; modélisation ; ravageur ; pathogène ; tomate ; igname ; cucurbitacée ; colletotrichum ; bemisia ; fusarium ; begomovirus

USC 389 Unité sous contrat **Écologie animale et zoologie agricole**

Activité Faunistique et biosystématique des acariens ravageurs des cultures

Mots-clés phylogénie ; biodiversité ; marqueur moléculaire ; Tetranychidae ; Phytoseiidae ; acarien ; prédation ; lutte biologique ; lutte raisonnée ; verger ; vignoble ; systématique ; culture tropicale

Activité Faunistique et biosystématique des insectes ravageurs

Mots-clés biosystématique ; identification ; marquage biochimique ; collection ; insecte ; Agromyzidae ; Aphidoidea ; Coccoidea ; relation plante insecte ; complexe parasitaire ; parthénogenèse ; piège à succion ; Agraphid ; potyvirus ; piégeage ; arbre fruitier ; marquage génétique

Sciences pour l'action et le développement

UE 1117 Unité expérimentale Vigne et vin

Activité Gestion des collections de ressources génétiques (vigne : cabernet franc, chenin, sauvignons blanc et rose, grolleaux rouge, gris et blanc)

Résumé Gérard Barbeau coordonne la gestion des conservatoires génétiques mentionnés ci-dessus au niveau du domaine expérimental Inra de Montreuil-Bellay
02 41 22 56 72
barbeau@angers.inra.fr

Mots-clés vigne ; cépage ; clone ; sélection clonale

UMR 1048 Unité mixte de recherche Systèmes agraires et développement : activités, produits, territoires

Activité Formes d'organisations territoriales des activités agricoles à finalité environnementales

Résumé Les politiques publiques portant sur l'agriculture prennent de plus en plus en compte les préoccupations environnementales de la société. Les organisations qui résultent des dispositions législatives et réglementaires ne sont cependant pas suffisantes pour permettre une maîtrise des problèmes environnementaux sur des territoires continus. Notre groupe de recherche, alliant agronomie, zootechnie, géographie, sociologie et économie, vise à étudier comment rendre compatibles des fonctions de production et de maîtrise des ressources naturelles à un échelon local sur des territoires continus.

Mots-clés pollution ; biodiversité ; territoire ; bassin versant ; fonctionnement des exploitations ; typologie ; érosion ; exploitation agricole ; modélisation spatiale

UR 55 Unité de recherches SAD - Station de Mirecourt

Activité Évaluation du changement technique dans les systèmes de polyculture élevage

Mots-clés système de culture ; nitrate ; gestion des ressources ; eau ; système d'élevage ; utilisation du territoire ; exploitation agricole ; bassin d'alimentation ; protection de l'environnement ; résidu phytosanitaire

UR 980 Unité SAD Armorique

Activité Organisation spatiale des relations entre activités agricoles et processus écologiques : dynamique de la biodiversité et flux de nutriments dans les régions bocagères d'élevage intensif

Mots-clés paysage ; gestion du territoire ; exploitation agricole ; biodiversité ; bocage ; fertilisation ; azote ; utilisation des terres

Sciences sociales, agriculture et alimentation, espace et environnement

UMR 1135 Laboratoire Montpellierain d'Économie théorique et appliquée

Activité Politiques publiques et dynamique des paysages et de la biodiversité

Résumé Cette activité est orientée vers l'analyse des problèmes de conception et de mise en oeuvre des politiques publiques de protection des paysages et de la biodiversité. Une attention particulière est portée aux mécanismes incitatifs (fiscalité et contrats notamment) et au rôle des asymétries d'information dans la mise en oeuvre. La politique européenne de protection de la biodiversité particulièrement étudiée, sous l'angle de l'exercice de la subsidiarité. Les institutions de la protection de la biodiversité (Parcs et aires protégées) sont particulièrement étudiées.

Cette activité s'inscrit dans un réseau de collaborations à l'échelle française (dans le cadre de l'Institut Français de la Biodiversité) et européenne (contrat européen BioEcon: www.bioecon.ucl.uk). Outre les collaborations engagées avec le CIRAD sur Madagascar, et la CATIE au Costa-Rica, une collaboration avec l'Australia's National University est actuellement engagée, et porte sur le rôle des valeurs collectives dans la gestion des écosystèmes.

UMR 1215 Laboratoire de Micro-économie appliquée de Grenoble

Activité Rationalisation de la conservation des ressources génétiques et biodiversité

Mots-clés modèle de décision ; biodiversité ; ressource génétique ; droit de propriété ; incertitude ; préservation ; aide à la décision