

**Programme agroBi : programme fédérateur INRA
de biologie intégrative animale, végétale & microbienne**

Le comité de pilotage agroBi s'est réuni le 17 mai, étaient présents :

Président F.Houllier (INRA Dir Scient Plantes et Produit du Végétal),
B.Charley (INRA Dir Scient Animal et Produits Animaux), A.Lebivic (CNRS DSA SDV), A.Charrier (INRA Membre Conseil Scientifique INRA), P.Herpin (INRA DSA DSAPA), C.Chevalet (Programme Genanimal), H.Lucas (Programme Génoplande), S.Aymerich (représentant le CS agroBi).

Le comité de pilotage a validé le classement proposé par le comité scientifique du programme (voir ci-dessous), il a décidé de retenir les 11 projets classés A+ et A. Un montant de 80K€ est conservé pour l'animation scientifique du programme (organisation de séminaire, écoles chercheur en modélisation).

Le comité de pilotage souhaite que chaque porteur de projet reçoive d'ici début juin un rapport de synthèse à partir des avis des experts et des rapporteurs internes.

L'avenir du programme est à rediscuter avec le CNRS, A.Lebivic est favorable à l'élaboration d'une réflexion commune sur l'avenir des programmes de biologie intégrative animale et végétale.

Rapport du comité scientifique du programme

Le comité scientifique présidé par J.Joyard (CNRS Grenoble) s'est réuni le 5 mai 2006, il était composé de :

S.Aymerich (INRA Microbio), H.Barbier-Brygoo (CNRS BV), P.Bourgine (CEA Syst Complexes),
T.Candresse (INRA Santé Plantes), A.Charcosset (INRA Amélioration des Plantes), L.Duret (CNRS Biologie Biométrie Evolutive Lyon), J.M.Fayard (INSA Lyon), F.Guillou (INRA Physio Animale),
H.Höfte (INRA BV), D.Job (CNRS BV), S.Lagarrigue (INRA Génét Animale), J.Nicolas (INRIA Bioinfo),
T.Pineau (INRA Santé Animale), C.Plomion (INRA Forêts), F.Rodolphe (INRA Maths Info Appliquées),
T.Simonneau (INRA Environnement Agronomie).

Le comité a évalué 29 projets scientifiques se répartissant ainsi :

- 5 projets Développement
- 5 projets Caractères agronomiques
- 7 projets Régulation-métabolisme
- 5 projets Biologie des systèmes
- 7 projets Interactions hôte-pathogène et virulence

Le total des demandes se montait à environ 4 millions d'euros, pour une somme allouée au programme agroBi de 1,4 million d'euros sur la période juin 2006 – juin 2008.

Le comité a procédé de la manière suivante :

- un premier tri rapide ayant pour objectif d'éliminer les projets ne répondant manifestement pas à l'appel d'offre a conduit à retenir la quasi totalité des projets (28).
- les projets ont été évalués par des membres du comité scientifique fondant leur proposition sur leur propre analyse et l'avis d'experts extérieurs (2 à 4 par projet).
- lors de la réunion du comité scientifique, chaque rapporteur principal a présenté et analysé le projet (points forts, points faibles), fait une synthèse des avis des experts externes et proposé une notation (A/B/C). Le second rapporteur a ensuite complété l'analyse, apportant ainsi d'éventuelles précisions et proposant lui aussi sa notation (A/B/C). Ces diverses analyses ont alors servi de base à une proposition de notation consensuelle préliminaire.
- nous avons travaillé à partir des critères de sélection énoncés dans l'appel d'offre, en prenant en compte :
 1. la pertinence de la question biologique (ce facteur était prioritaire) ;
 2. la qualité scientifique du projet et l'excellence des partenaires ;
 3. les différents niveaux d'intégration & la pluridisciplinarité du projet ;
 4. la réalité de la confrontation entre modélisation/bioinformatique/biostatistiques et partie expérimentale :
 - intégration des données massives provenant de l'utilisation des technologies à haut débit,
 - construction/reconstruction de modèles à partir des données expérimentales.

La discussion a conduit à éliminer les projets ayant reçu les notations B ou C et à retenir 15 projets en distinguant 3 groupes : 4 A⁺, 7 A & 4 A⁻. Les projets du groupe A⁻ ont été classés de 1 à 4.

Commentaires

D'une manière générale, le comité scientifique a été très agréablement surpris de constater la quantité et la qualité des projets proposés : il n'y avait pas vraiment de mauvais projet, un seul projet était carrément hors appel d'offre. Certains projets étaient un peu justes, n'ayant que des ambitions limitées dans l'intégration d'approches biomathématiques au sein de leur démarche expérimentale.

Si les projets s'attachant aux modèles procaryotes ou eucaryotes unicellulaires sont en mesure d'être novateurs et originaux en termes de modélisation (projet Intégration d'un centre d'interaction Hub, dans un réseau génique global), les chercheurs travaillant sur des systèmes eucaryotes plus complexes ont été en mesure de proposer des projets pertinents et cohérents avec l'appel d'offre. Un des meilleurs projets que nous ayons eu à analyser portait sur l'architecture nucléaire et nous semble tout à fait exemplaire à cet égard, car il combinait des approches d'imagerie cellulaire à grande échelle sur des modèles biologiques différents (lapin, Arabidopsis) et un va-et-vient entre acquisition des données expérimentales et modélisation pour faire émerger des notions nouvelles.

Le comité a été confronté à l'hétérogénéité des appréciations et notations des experts. Le comité a donc étudié très finement l'adéquation entre la proposition de classement/notation de chaque expert et ses commentaires sur les points forts et points faibles du projet. L'ensemble de ces analyses a été intégré dans la notation finale proposée par le comité.

La diversité des points de vue sur la notion même de biologie intégrative a bien été gérée au sein du comité. Par exemple, la vision parfois très restrictive de certains experts externes spécialistes de la biologie des systèmes a été bien éclairée par l'analyse faite en séance par les spécialistes de biomathématiques/modélisation présents dans le comité. D'autre part, nous avons éliminé d'excellents projets posant de très bonnes questions biologiques, proposés par d'excellentes équipes et couvrant une large palette de niveaux d'intégration pour la raison qu'ils avaient des ambitions relativement limitées en terme de modélisation, et/ou de bioinformatique et/ou de biostatistique.

Parallèlement l'INRA avait lancé une démarche d'ouverture de profils ASC en biologie intégrative et modélisation. Sur les 8 profils ASC classés par l'INRA en A+ et A, 6 sont inclus dans des projets présentés également à l'appel à propositions agroBi : 5 de ces projets se retrouvent effectivement dans les 15 projets retenus par le comité scientifique.

Pour conclure, le comité scientifique estime que cette première expérience est très positive et devrait conduire à l'émergence de réseaux nouveaux au sein de la communauté scientifique permettant d'aborder des questions biologiques complexes par une approche intégrative pluridisciplinaire. Par rapport à BIOSYS, il nous semble qu'agroBi offre la possibilité de financer des projets autres que des projets concernant des modèles biologiques simplifiés et dans lesquels la notion d'intégration n'est pas limitée à des approches purement de modélisation des systèmes complexes. Il nous semble que cette initiative devrait être renouvelée, peut-être dans un contexte impliquant un financement plus large par l'ensemble des organismes (INRA, CNRS, INSERM, INRIA....).

Tableau présentant les 11 projets sélectionnés

Titre	Porteur	Labo du porteur	Autres équipes
Biologie du système de signalisation cellulaire induit par l'hormone folliculo-stimulante (FSH).	Eric Reiter	INRA / Dpt PHASE / UMR6175, Physiologie de la Reproduction et des Comportements 37380, Nouzilly	2. INRA/PHASE/UMR6175 3. Univ de Nantes/CNRS/UMR6204 4. INRIA/équipe Contraintes 5. INRIA/équipe SOSSO2
Architecture nucléaire : modélisation spatiale et application à la compréhension des mécanismes de différenciation/dédifférenciation	Pascale Debey	INRA/ PHASE / Biologie de la Reproduction BDR Jouy-en-Josas	2. INRA / PHASE / Génét Physio Lait Jouy 3. INRA / BV / Bio Cellulaire Versailles 4. INRA / PHASE / BDR Jouy 5. INRA/MIA/MathCell Jouy 6. INRA/PHASE/NOFA Jouy
Modélisation de la morphogenèse d'un épithélium embryonnaire à fonction trophique	Isabelle HUE	INRA/PHASE/BDRDomaine Vilvert, 78352 Jouy en Josas	2. Département MIA, Unité MIA-Jouy
ANALYSE ET MODELISATION DES REPONSES INTEGREES DE <i>MEDICAGO TRUNCATULA (MTR)</i> AUX CONTRAINTES AZOTEES	Nathalie Munier-Jolain	INRA / EA Génétique et Ecophysiologie des Légumineuses 21065 Dijon cedex	2. INRA/ BV / BPMP Montpellier 3. INRA/SPE/LIPM Toulouse 4. INRA/GAP/URLEG Dijon
Fonction et régulation des aquaporines dans la plante sous contrainte hydrique : contrôle du transport d'eau et croissance	Christophe Maurel	INRA-BV-UMR BPMP AgroM/INRA/CNRS/UnivMontp2 F-34 060 Montpellier	2. INRA / BV / UR 1199 Montpellier 3. INRA / EA / UMR 759 Montpellier
Transcriptome vs protéome, un examen des régulations traductionnelles par une approche de biologie intégrative chez <i>Lactococcus lactis</i>	Muriel Coccagn-Bousquet	Laboratoire de Biotechnologie-Bioprocédés, UMR INRA CNRS Toulouse	2. Unité de Bioch BactérienneINRAJouy 3. Labo Stats et Proba UPS Toulouse 4. LAAS CNRS Toulouse
Caractérisation et modélisation de la « fonction symbiotique » de <i>Buchnera aphidicola</i> chez le puceron du pois <i>Acyrtosiphon pisum</i>	Hubert Charles	UMR INRA- INSA Biologie Fonctionnelle Insectes et Interactions (BF2I) 69 621 Villeurbanne	2. INRIA (Projet Helix), équipe baobab, UMR BBE, Univ. Lyon 1. 3. Institut de mathématiques Camille Jordan (ICJ) UMR CNRS - UCBL - INSA Lyon -ECL
Vitamine C dans le fruit (VTC Fruit) : une voie simple, des effets complexes sur la texture, la composition et la qualité nutritionnelle du fruit	Christophe Rothan rothan@bordeaux.inra.fr	INRA / BV / UMR 619 PBV 33883Villenave d'Ormon cedex	2. INRA / GAP/ UGAFL Avignon 3. INRA / CEPIA / SQPOV Avignon 4. LABRI Bordeaux 5. LTPC / EPCA Bordeaux 6. INRA / EA / PSH Avignon
Bases de la diversité métabolique au sein de l'espèce <i>S. cerevisiae</i>	Sylvie Dequin	INRA/MICA Sciences pour l'œnologie (SPO) 34060 Montpellier	2. INRA/MIA Mathématique, Informatique et Génome (MIG) Jouy-en-Josas
Intégration d'un centre d'interactions protéiques (hub) dans le réseau génique global par l'analyse transcriptomique, la modélisation des données, et la validation fonctionnelle	Philippe NOIROT	INRA / MICA / UR895 Génétique Microbienne, INRA, Jouy en Josas	2 INRA/ MIA/ MIG Jouy 3 INRA / GA / équip GEL-PICT 4 INA-PG - OMIP / INRA MIA 5 INRA/ MIA/ MIA -Jouy 6 INRA / MICA / Génétique Microbienne 7 INRA/ MIA/ UMR-ASP Montpellier
Prédire et identifier le lipoprotéome et le secrétome de bactéries pathogènes minimalistes : une étape clé dans la compréhension des interactions hôtes-mollicutes	Alain Blanchard ablancha@bordeaux.inra.fr	UMR 1090 GDPP INRA, IBVM Bordeaux, 33883 Villenave D'Ormon	2. ENV Toulouse/SA/ UMR1225 28 3 Bordeaux/SPE SA/ UMR1090 44 4 LABRI Université de Bordeaux 2