HAL open science

Modélisation des flux dans l'architecture et allocation des ressources

Abraham A. Escobar Gutierrez, André Lacointe, Loic L. Pagès, Gilles G. Vercambre

▶ **To cite this version:**

Abraham A. Escobar Gutierrez, André Lacointe, Loic L. Pagès, Gilles G. Vercambre. Modélisation des flux dans l'architecture et allocation des ressources. Journées Plantes et Peuplements Virtuels (PLANTVIRT 2008), 2008, Lyon, France. pp.18-20. hal-00964748

HAL Id: hal-00964748

https://hal.science/hal-00964748v1

Submitted on 4 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Journées Plantes et Peuplements Virtuels

27-28 mars, ENS Lyon

Programme, Résumés, Participants

Comité de programme :
Nathalie Munier-Jolain & Laurent Bruckler (EA),
Catherine Christophe & François Houllier (DS PPV),
Daniel Auclair (EFPA), Evelyne Costes (GAP), Thierry Fourcaud (CIRAD),
Christian Fournier (EA), Christophe Godin / Christophe Pradal (INRIA),
Bernard Tivoli (SPE), Jan Traas (BV)

Journées Plantes et Peuplements virtuels (27-28 mars 2008 à l'ENS de Lyon)

27 mars 2008 **accueil café à 8h00**

8h45 Introduction (F.Houllier)

9h-10h30 Synthèses 3*(15'+5') + 30' discussion ***chairman Daniel Auclair***

- EA LEPSE/MAPI Montpellier Jérémie Lecoeur & LEPSE/MAGE Christian Fournier *&* /Grignon EGC/Plante Alexandra Julien

Développement et fonctionnement des plantes : questions, défis pour le département EA

- BV /Lyon UMR RDP JanTraas et EA/ Clermont UMR PIAF/MECA/ Bruno Moulia

Morphogenèse et développement : intégration niveaux moléculaire-cellulaire-tissulaire-organe, allers-retours modèles - expérimentation

- EFPA-CIRAD /Montpellier AMAP / Daniel Barthélémy

Analyse et modélisation de l'architecture des Plantes

10h30-11h pause

11h-13h Défis méthodologiques 4*(15'+ 5') + 40' discussion ***chairman Jan Traas***

- INRIA-CIRAD-INRA / Montpellier UMR DAP/Virtual Plants Evelyne Costes

Méthodes et outils de modélisation informatiques : exemples du projet Virtual Plants

- EA / Grignon EGC/Plante Bruno Andrieu & Montpellier LEPSE/SPIC Christine Granier

Phénotypage haut débit et plantes virtuelles : quels gaps et quelles synergies ?

- EA/EFPA /Clermont-Ferrand UMR PIAF/AMi Hervé Sinoquet

Méthodes de mesure de la structure 3D des arbres / Architecture et microclimat des arbres

- EA/EFPA Clermont PIAF/BioDHiv André Lacointe & EA /Avignon PSH G. Vercambre, Loic Pagès & EA/Lusignan P3F Abraham Escobar

Modélisation des flux dans l'architecture et allocation des ressources

13h–14h30 pause déjeuner

14h30-16h30 Thématiques 4*(15'+5') + 40' discussion ***chairman Christian Fournier***

- peuplements et paysages - EFPA /Daniel Auclair Montpellier

Organisation et Dynamique des Peuplements et des Paysages

- maladies des plantes - SPE / Bernard Tivoli Rennes & Bordeaux UMRSV Agnès Calonnec

Quand l'architecture de la plante et du couvert pilote les épidémies : que peut-on attendre d'une approche "plante et peuplement virtuels" en phytopathologie ?

- génétique et environnement - GAP / DAP/ Montpellier Evelyne Costes & GAP/LEPSE Montpellier Claude Welcker & GAP/Mons Catherine Giauffret & GAP/URGAFL Avignon Bénédicte Quilot

Quel apport des Plantes Virtuelles pour étudier la génétique plantes et leurs interactions avec l'environnement ?

- biomécanique - CIRAD Biophysique et biomécanique / Thierry Fourcaud / & EFPA / Nancy LERFoB Thiéry Constant / EA/ Clermont UMR PIAF/MECA/ Bruno Moulia

Modélisation des interactions architecture – biomécanique de l'arbre

16h30-17h pause

17h-19h Exemples flash 9*10' + 30' discussion ***chairwoman Nathalie Munier-Jolain***

- EFPA / Avignon URFM Eric Rigolot

FIRE PARADOX Fuel Manager : Un gestionnaire de combustible pour la modélisation des incendies de forêt

- EA / Bordeaux EPHYSE Yves Brunet

Mécanique des fluides et plante virtuelle

- SPE/ Bordeaux UMRSV A. Calonnec.

Couplage du développement de la vigne et de la dynamique épidémique des maladies aériennes fongiques

- EA/ Clermont PIAF Hervé Sinoquet, Marc Saudreau et Pierre-Eric Lauri (GAP)

Interactions dynamiques entre architecture du pommier et développement des épidémies de V. inaequalis

- SPE / EA / EGC Plante Bertrand Ney, Bruno Andrieu, Michaël Chelle

Couplage d'un modèle 3D de plante et d'un modèle épidémiologique pour l'analyse des interactions hôte * agents pathogènes

- EA / Antilles Unité APC François Bussière

Modélisation de la distribution de la pluie par les plantes pour les risques environnementaux et pathologiques

- EA / Angers SAGAH Vincent Guérin, Sabine Demotes et Bruno Andrieu

Vers un rosier virtuel en 3D pour intégrer les interactions plante - environnement - génotype dans la mise en place de l'architecture

- CIRAD / Montpellier UR 'modélisation intégrative' Delphine Luquet

Modélisation structure / fonction pour l'analyse de la plasticité phénotypique des céréales, son contrôle par le métabolisme carboné et les relations source -puits

- SPE / Rennes Yannick Monnet

Représentation de la plante dans une optique de couplage de la dynamique de développement de la plante et de la dynamique de l'ascochytose du pois

---

28 mars 2008

9h-10h30 plates-formes 3*(15'+5') + 30'discussions ***chairwoman Evelyne Costes***

- INRIA/CIRAD/INRA / Montpellier UMR DAP/Virtual Plants, Christian Fournier

OpenAlea: une plateforme logicielle libre et reconfigurable pour la modélisation des plantes.

- INRA/CIRAD/IRD/CNRS/UM2 UMR AMAP/MIA, François de Coligny

Accessibilité des données et outils, intégration, problématique des plates-formes

- ECP MAS – INRIA DigiPlante, Philippe de Reffye

Modèle analytique de la croissance et de la production des plantes

10h30-11h pause

11h-13h ateliers réflexion par atelier : 1h30 débat + 30 min synthèse

- ***Plates-formes : mutualisation des outils, méthodes*** Christian Fournier, François De Coligny
- ***Stratégies de partage des données*** Bruno Andrieu, Hervé Sinoquet
- ***Génétique & moléculaire & cellulaire*** Jan Traas, Evelyne Costes
- ***Réseau architecture épidémiologie*** Bernard Tivoli, Bertrand Ney
- ***Agronomie et changements d'échelle*** Daniel Auclair, Yves Brunet

13h-14h30 pause déjeuner

- **14h30-15h30 retour des ateliers**
- **15h30-17h conclusions journées et perspectives** ***François Houllier (DS PPV)*** ***Laurent Bruckler (CD EA)***

17h fin des journées

SOMMAIRE

Synthèses
Modélisation du développement et du fonctionnement des plantes : questions, défis pour le département EA 5
Morphogénèse et développement : intégration des niveaux de la molécule à l'organe, allers-retours entre modèles et expérimentations 7
Analyse et modélisation de l'architecture 8
Défis méthodologiques
Méthodes et outils de modélisation informatiques : exemples du projet Virtual Plants 9
Méthodes de mesure de la structure 3D des arbres 12
Architecture et microclimat des arbres 14
Architecture et gestion des ressources : couplage des processus de développement et de gestion des ressources majeures de la plante (eau, C, N) 16
Modélisation des flux dans l'architecture et allocation des ressources 18
Thématiques
Organisation et Dynamique des Peuplements et des Paysages 21
Quand l'architecture de la plante et du couvert pilote les épidémies. 23
Quel apport des Plantes Virtuelles pour étudier la génétique des plantes et leurs interactions avec l'environnement ? 26
Modélisation des interactions architecture – biomécanique de l'arbre 28
Exposés flash
Fire Paradox Fuel Manager : Un gestionnaire de combustible pour la modélisation des incendies de forêt 30
Couplage du développement de la vigne et de la dynamique épidémique des maladies aériennes 32
Interactions dynamiques entre architecture du pommier et développement des épidémies de Venturia inaequalis. 34
Développement d'un modèle de « blé virtuel » 36
Couplage d'un modèle 3D de plante et d'un modèle épidémiologique pour l'analyse des interactions hôte x agents pathogènes. 38
Le cas du pathosystème blé x septoria tritici. 38
Modélisation de la distribution de la pluie par les plantes pour les risques environnementaux et pathologiques 40
Vers un rosier virtuel en 3D pour intégrer les interactions plante – environnement – génotype dans la mise en place de l'architecture 42
Modélisation structure / fonction pour l'analyse de la plasticité phénotypique des céréales, son contrôle par le métabolisme carboné et les relations source - puits 44
Représentation de la plante dans une optique de couplage de la dynamique de développement de la plante et de la dynamique de l'ascochytose du pois 46
Plates-formes
OpenAlea: une plateforme logicielle libre et modulaire pour la modélisation des plantes 48
Accessibilité des données et outils, intégration, problématique des plateformes 50
Modélisation – Simulation – Visualisation de la Croissance des Plantes : le projet Digiplante à l'INRIA Saclay. 52
Ateliers
Plateformes, mutualisation des outils et des méthodes 54
Mise en place d'un réseau 'Epidémiologie et Architecture' (EpiArch) 55

Liste des participants 57

Modélisation du développement et du fonctionnement des plantes : questions, défis pour le département EA

J. Lecoeur (SupAgro, Montpellier, Laboratoire d'Ecophysiologie des Plantes sous Stress Environnementaux), **C. Fournier** (EA, Montpellier, Laboratoire d'Ecophysiologie des Plantes sous Stress Environnementaux), **A. Jullien** (EA, Grignon, UMR Environnement et Grandes Cultures)

Mots-clés : Biologie intégrative, modèles structure-fonction, interactions génotype-environnement, écophysiologie, intégration organe-plante-peuplement, propriété émergente, microclimat, simulation

Principales collaborations :

Plant Sciences Group, Wageningen University, The Netherlands
INRIA, Virtual Plants Team, UMR DAP, Montpellier, France
Laboratoire de mathématiques appliqués aux systemes, Ecole centrale, Paris, France
INRIA, Digiplant, Roquencourt
Algorithmic Botany, Calgary, Canada

Quelques publications généralistes :

Andrieu, B., Lecoeur, J., Lemaire, G., and Ney, B. (2006). Le peuplement végétal cultivé. In "L'agronomie aujourd'hui" (T. Doré, M. Le Bail, P. Martin, B. Ney and J. Roger-Estrade, eds.), pp. 103-136. Editions Quae, Paris, France

Chelle M. (2005) Phylloclimate or the climate perceived by individual plant organs: What is it? How to model it? What for? *New Phytologist*, **166**, 781-790.

Fournier C., Andrieu B., Buck-Sorlin G.H., Evers J.B., Drouet J.L., Escobar-Guitiérrez A.J. & Vos J. (2007) Functional-structural modelling of Gramineae. In: *Functional-Structural plant modelling in crop production* (eds J. Vos, L.F.M. Marcellis, P.H.B. de Visser, P.C. Struik, & J.B. Evers), pp. 175-186. Springer, the Netherlands.

Reffye, P., and Houllier, F. (1997). Modelling plant growth and architecture: Some recent advances and applications to agronomy and forestry. Current Science 73, 984-992.

Tardieu F. (2003) Virtual plants: modelling as a tool for the genomics of tolerance to water deficit. *Trends in Plant Science*, **8**, 9-13.

Résumé du travail en cours :

En écophysiologie, la modélisation du développement et du fonctionnement des plantes a pour objet l'explicitation, et l'intégration des interactions plantes – environnement, afin de comprendre la construction du phénotype de la plante. A terme, ces travaux doivent permettre de raisonner les pratiques agricoles et la sélection variétale. Au sein du département EA, les modèles de plante 'structure-fonction' (FSPM), ou « plantes virtuelles » ont, depuis les années 90, progressivement diffusé dans ce domaine.

L'utilisation des plantes virtuelles est, depuis 2003, affichée en tant que priorité du département, notamment en biologie intégrative. L'appellation de « plantes virtuelles » désigne, dans le contexte EA, des modèles (fonctionnels et/ou de développement) où la structuration

topologique et/ou géométrique de la plante est prise en compte de façon explicite. Ils posent de façon assez spécifique la question de l'intégration entre niveaux d'organisation à partir de l'organe vers la plante entière et le peuplement.

Le principal enjeu scientifique est l'intégration de nos connaissances pour prédire et analyser la plasticité phénotypique des plantes. Le défi est de représenter un système complexe constitué d'un grand nombre d'unités fonctionnelles échangeant de la matière et de l'information, décalées en terme de développement et soumises à des environnements physiques différents (phylloclimat). Cette approche doit nous permettre de faire des tests d'hypothèses, de rendre compte de propriétés émergentes ainsi que de faire le lien avec la variabilité génétique.

Un second enjeu est d'exploiter le potentiel applicatif de ce type de démarches. Ces travaux donnent, en effet, naissance à des outils de simulation originaux. Ils fournissent une aide à l'analyse d'expérimentation avec l'estimation de variables difficiles accessibles (interception lumineuse à l'échelle d'un organe, force de puits…). Ils permettent la mise en place d'expérimentations virtuelles pour évaluer le poids de caractères sur l'élaboration du phénotype ou le raisonnement d'idéotypes. Ils sont particulièrement adaptés pour accompagner le développement des méthodes de télé- et proxi-détection, au travers de la calibration des signatures optiques des plantes et des couverts. Il existe enfin une demande forte pour disposer de représentations dynamiques de plantes et de couverts pour l'étude d'interactions à des niveaux supérieures, notamment avec d'autres systèmes biologiques (ravageurs, maladies…). Pour ces applications, l'objectif principal est d'avoir un simulateur capable de produire des structures de plante plus ou moins indépendamment de questions biologiques. Le succès de l'utilisation de ces outils résident en partie sur leur accessibilité et leur coût en terme d'acquisition des données d'entrée.

La majeure partie des projets actuels se positionnent sur l'utilisation des résultats des simulateurs, mais affichent encore peu des questions de biologie théorique. On peut faire le constat que peu d'équipes ont émergé sur ces questions. Cela pourrait être lié à la difficulté de mise en œuvre de ces approches, à la fois d'un point de vue technologique par la diversité des compétences nécessaires (peu d'équipes multidisciplinaires), théorique (il n'y a pas de théorie consensus sur le mode de représentation des plantes et leur fonctionnement) et expérimental. Ceci induit un coût initial élevé pour mettre en place un projet. Faire sauter ces verrous passe par un élargissement de la communauté et le développement d'une culture commune ainsi que la capitalisation des acquis (réutilisation de codes, de modèles et de jeux de données).

Morphogénèse et développement : intégration des niveaux de la molécule à l'organe, allers-retours entre modèles et expérimentations

Jan Traas BV Lyon UMR RDP, Bruno Moulia EA Clermont UMR PIAF MECA

Analyse et modélisation de l'architecture

UMR AMAP, Montpellier : **D. Barthélémy** (Inra), D. Auclair (Inra), J.-F. Barczi (Cirad), F. Blaise (Cirad), Y. Caraglio (Cirad), T. Fourcaud (Cirad) , P.Heuret, M. Jaeger (Cirad, détaché Inria), P. de Reffye (Cirad-Inria) et al.

Mots-clés :
Morphologie et architecture des plantes, Modélisation et simulation de l'architecture et de la production des plantes, Description historique des méthodes, modèles et logiciels développés à l'Umr Amap en étroite collaboration avec divers partenaires.

Principales collaborations :

En France, divers laboratoires du Cirad, de l'Inra, de l'Inria, de l'Ird, de l'Inria, ECP (Mas) ; à l'étranger, divers laboratoires en Argentine, Chili, Chine, Inde …

Publications récentes :

Barczi J.-F., Rey H., Caraglio Y., de Reffye P., Barthélémy D., Dong Q., Fourcaud T. 2008. AMAPsim: an integrative whole-plant architecture simulator based on botanical knowledge. Annals of Botany (sous presse)

Barthélémy, D., Caraglio, Y., 2007. Plant architecture: a dynamic, multilevel and comprehensive approach of plant form, structure and ontogeny. Annals of Botany, 99 (3) : 375-407 [Invited paper]

Reffye P. de, Barthelemy D., Cournède P.H., Jaeger M. 2008. Modélisation et simulation de la morphogenèse et de la production végétale. Aux origines de la plante. In: « histoire de la botanique. Fayard Ed. (sous presse)

Dong Q., Louarn G., Wang Y., Barczi J.F., de Reffye P. 2008. Does the structure function model GREENLAB deal with crop phenotypic plasticity induced by plant spacing ? A case study on tomato. Annals of Botany, (sous presse)

Mathieu A., Cournède P.H., Barthélémy D., de Reffye P. 2008. Rhythms and alternating patterns in plants as emergent properties of a model of interaction between development and functioning. Annals of Botany, (sous presse)

Résumé du travail en cours

Depuis sa création à la fin des années 80, le laboratoire AMAP s'est spécialisé dans le développement des modèles de croissance des plantes, à partir des concepts architecturaux développés par Francis Hallé et collègues.
Ces modèles ont donné naissance à une génération de logiciels (la "gamme AMAP") qui correspondent à l'implémentation successive de différents paradigmes de modélisation (modèles stochastiques de la trajectoire des méristèmes, automates discrets probabilistes, modèles résistifs, automates discrets hiérarchisés, *etc.*). Les développements actuels visent à intégrer de plus en plus de connaissances sur la physiologie végétale (fonctionnement de la plante) et permettre de simuler la plasticité de l'architecture et la production de la plante en interaction avec son environnement (stress hydrique, lumière, compétition spatiale…).
L'historique et les perspectives de ce travail collaboratif seront présentées et le lien avec d'autres exposés sera indiqué et explicité.

Méthodes et outils de modélisation informatiques : exemples du projet Virtual Plants

Evelyne Costes, **INRIA-CIRAD-INRA Montpellier UMR DAP**

Phénotypage haut débit et plantes virtuelles : quels gaps et quelles synergies

Bruno Andrieu (EA, Grignon, UMR EGC), Fréderic Baret (EA Avignon, CSE), C. Granier (EA Avignon, LEPSE)

NB Aujourd'hui, les travaux concernant « phénotypage haut débit et plantes virtuelles » ne sont pas structurés en un axe de recherche. Il existe des besoins, et une démarche, issue de la télédétection, et qui parait transposable à cet enjeu, mais il s'agit plus de perspectives ou de « premiers pas » que de projet avancé. Dans ce contexte je ne me suis pas focalisé sur les résultats récents mais ai plutôt cherché à résumer les éléments disponibles.

Mots-clés : modélisation, inversion, estimation, paramètres, mesures indirectes, transfert radiatif,

Principales collaborations :

EA Grignon, EGC : M. Chelle
EA Montpellier, LEPSE +ALE : C. Fournier
INRIA, Montpellier C. Godin
EA Toulouse, ACH : Philippe Burger
Arvalis: P. Gate, D. Gouache

Publications récentes:

España, M., F. Baret, F. Aries, and B. Andrieu. 1999. Sensitivity of radiative transfer variables calculation to the accuracy of canopy structure description. The case of maize canopy as described by a 3D architecture model. Agronomie, 19:241-254.

Lewis P, Saich P, Disney M, Andrieu B, Fournier C, et al. 2004. *Calibration of an L-system model of winter wheat for remote sensing modelling and inversion*. Proceeding of the at 4th International Workshop on Functional Structural Plant Models (FSMP04), C. Godin et al Ed., pp257-261 Montpellier (FRA)

Koetz B, Baret F, Poilve H, Hill J. 2005. Use of coupled canopy structure dynamic and radiative transfer models to estimate biophysical canopy characteristics. *Remote Sensing of Environment* 95: 115-24

Granier C, Aguirrezabal L, Chenu K, Cookson SJ, Dauzat M, et al. 2006. PHENOPSIS, an automated platform for reproducible phenotyping of plant responses to soil water deficit in Arabidopsis thaliana permitted the identification of an accession with low sensitivity to soil water deficit. *New Phytologist* 169: 623-35

Baret, F., V. Houles, and M. Guerif. 2007. Quantification of plant stress using remote sensing observations and canopy functioning models: the case of nitrogen management. Journal of experimental botany, doi:10.1093/jxb/erl231:1-12.

Résumé du travail en cours:

La motivation est le besoin qui existe de d'acquérir rapidement des informations sur l'état et/ou le fonctionnement de plantes et peuplements. Ce besoin existe sous de multiples formes :

- la sélection variétale la recherche de QTL, nécessitent souvent de comparer des dizaines ou des centaines de génotypes
- l'étude des interactions génotypes-environnement nécessite de caractériser le comportement de différents génotypes sous différents environnement.
- Finalement des expérimentations qui ont d'autre but que la caractérisation de la végétation peuvent nécessiter des descriptions détaillées des couverts végétaux.

Toutefois les caractéristiques d'intérêt sont rarement accessibles par des mesures rapides, voir sont souvent des variables « cachées ». Dans d'autre cas elles ne sont pas identifiées et le

phénotypage consiste parfois à mesurer des variables parce qu'elles sont accessibles, sans avoir défini la façon d'utiliser ces mesures.

Depuis 30 ans s'est développée pour d'autres applications une démarche sur l'acquisition d'information à partir de l'estimation de paramètres de modèles. Les recherches en télédétection ont adressé la question de l'acquisition d'information sur les couverts végétaux à partir de mesures satellitaires et aéroportées et défini une démarche, fondée sur la modélisation du couvert végétal, et de la formation des signaux (problème direct) puis l'estimation des paramètres à partir des signaux mesurés (problème indirect). Ceci fournit potentiellement un cadre pour raisonner le phénotypage, si l'on remplace les modèles de couvert végétal par des modèles « plante virtuelle » et le signal satellitaire par des variables mesurées de façon directe, ou indirecte (proxidétection).

Enjeux -verrous

Les difficultés sont de différents ordres, sans prétendre être exhaustif, on peut mentionner

- Pour aborder le problème inverse, un préalable est la résolution du problème direct, i.e. le développement de modèles de plante et/ou peuplement appropriés. Il n'existe pas – et de loin - de modèle de plante virtuelle intégrant un ensemble de réponses aux facteurs environnementaux comparable à ce qui existe pour les modèles de culture.
- Le développement de modèles « inversibles » suppose des compromis entre fidélité et complexité qui ne sont pas nécessairement les mêmes que pour d'autres applications des modèles plantes virtuelles. Il existe des contraintes très fortes en termes de temps de calcul, de nombre de paramètres, etc.
- Les instruments et protocole de mesure sont largement à améliorer, voir à redéfinir. En particulier pour la proxidétection.
- Les capacités des équipes à acquérir, et surtout exploiter et maintenir de larges bases de données est souvent un verrou.

Résultats Phares

- Une expérience de la méthodologie d'estimation de paramètres de modèles couplés, surtout acquise sur les modèles de culture (CSE)
- Le développement de modèles de plantes virtuelles (maïs et blé) et le couplage avec des modèles de rayonnement, permettant la simulation de signal. Ces modèles couplés ont été utilisé surtout pour des études de sensibilité, et à la marge pour des travaux préliminaires d'estimation de paramètres (EGC, CSE)
- Le développement de modèles zoom (e.g. extension foliaire) et l'acquisition de bases de données (LEPSE)
- Une expérience de développement d'outils et de méthodes d'acquisition de données en proxidétection (CSE)

Perspectives

- Mise au point de dispositif de mesures de proxidétection « haut débit » (F. Baret, P. Burger)
- Couplage entre modèles de cultures et modèles architecturés (envisagé : STICS et Adel-blé), et analyse des possibilités d'inversion (F. Baret + coll.)
- Révision des paramétrisations d'Adel blé en lien avec la définition de protocole optimaux d'estimation des paramètres (B. Andrieu + D. Gouache, coll. C. Fournier)
- Projet (en cours de montage) sur le développement de modèle permettant l'utilisation optimale des bases de données phénotypage d'extension foliaire (C. Granier, C. Godin)

Méthodes de mesure de la structure 3D des arbres

H. Sinoquet, B. Adam, N. Donès (EA, Clermont-Ferrand, UMR PIAF)

Mots-clés :

Digitalisation 3D, allométrie, scanner 3D

Principales collaborations :

EA, Lusignan, UR3PF ; GAP et INRIA, Montpellier, UMR DAP.

Publications récentes :

Stephan J, Lauri PE, Donès N, Haddad N, Talhouk S, Sinoquet H, 2007. Architecture of the pruned tree: Impact of contrasted pruning procedures over 2 years on shoot demography and spatial distribution of leaf area in apple (Malus domestica). Annals of Botany, 99, 1055-1065.

Sonohat G, Sinoquet H, Kulandaivelu V, Combes D, Lescourret F, 2006. Three-dimensional reconstruction of partially 3D digitized peach tree canopies. Tree Physiology, 26, 337-351.

Casella E, Sinoquet H, 2003. A method for describing the canopy architecture of coppice poplar with allometric relationships. Tree Physiology, 23, 1153-1170.

Rakocevic M, Sinoquet H, Christophe A, Varlet-Grancher C, 2000. Assessing the geometric structure of a white clover (Trifolium repens) canopy using 3-D digitising. Annals of Botany, 86, 519-526.

Sinoquet H, Rivet P, 1997. Measurement and visualisation of the architecture of an adult tree based on a three-dimensional digitising device. Trees: Structure and Function, 11, 265-270.

Résumé du travail en cours

La structure 3D a une grande importance dans le fonctionnement écophysiologique des plantes. Elle est le support du fonctionnement, notamment pour la capture des ressources ; elle génère une gamme de conditions microclimatiques, plus ou moins favorables aux bioagresseurs ; elle est aussi le résultat du fonctionnement de la plante. Par ailleurs, la structure 3D peut rapidement devenir un objet complexe, à cause de la taille des arbres et du nombre d'éléments qu'ils incluent. De par cette complexité, il est aussi intéressant d'étudier la structure en tant que telle. Dans ce contexte, la mesure précise de la structure 3D d'arbres réels est un thème qui nous semble important.

La structure 3D est souvent envisagée sous la forme d'une représentation explicite de la plante, i.e. une collection d'organes connectés entre eux et affectés d'une géométrie 3D (forme, dimension, position et orientation). La méthode la plus précise pour une telle mesure consiste à utiliser un digitaliseur à contact : un opérateur positionne un pointeur sur les points de la plante à mesurer. La technologie la plus courante dans notre communauté est la digitalisation électromagnétique (e.g. Polhemus), car elle est assez précise, n'est pas perturbée par la présence du feuillage voisin car les champs magnétiques traversent la végétation, et n'est pas très chère. Cette méthode a été appliquée à une large gamme de situations : arbres moyennement grands (<8 m), arbustes, mais aussi plantes de grande culture (céréales, Drouet

2003, coton), trèfle, systèmes racinaires (sans les racines fines !). Cette méthode fournit une méthode de référence, mais se révèle très consommatrice en temps. C'est la raison pour laquelle, nous avons cherché à développer des méthodes simplifiées.

La digitalisation simplifiée consiste à enregistrer les coordonnées 3D d'entités botaniques à une échelle moins fine que celle des feuilles (par exemple, les pousses annuelles) et de reconstruire les organes non digitalisés. La reconstruction est basée sur des relations allométriques (e.g. nombre de feuilles portées par une pousse annuelle en fonction de sa longueur), ou sur des tirages aléatoires dans des distributions mesurées (e.g. inclinaison des feuilles), ou sur de hypothèses (e.g. longueur des entrenoeuds constante sur une pousse). Les lois de reconstruction sont basées sur la digitalisation 3D de pousses à l'échelle des feuilles.

De façon générale, la digitalisation partielle peut être vue comme un continuum entre digitalisation complète (à l'échelle la plus fine) et reconstruction totale de la plante. Cependant, dès qu'une partie de la plante est reconstruite, il est nécessaire de valider la maquette 3D reconstruite. Pour cela, il est nécessaire de vérifier non seulement que les paramètres globaux de structure (e.g. surface foliaire totale, volume de la couronne), mais aussi que des attributs liés à la structure 3D de l'arbre sont correctement estimés. Pour cela, nous calculons les propriétés d'interception de la lumière à différentes échelles spatiales dans l'arbre. Nous avons montré que la maquette reconstruite est valide pour des calculs d'interception à l'échelle utilisée pour la reconstruction, seulement si on ne considère que la distribution des entités reconstruites (e.g. effectif par classe d'éclairement). Ce n'est pas le cas à l'échelle de l'entité reconstruite individuelle.

Une méthode alternative actuellement très à la mode est l'utilisation de digitaliseurs sans contact, i.e. des scanners 3D. Ces appareils fournissent des images 3D de la plante, i.e. une image où chaque pixel est associé à une profondeur, soit au final un nuage de points distribués dans l'espace. Jusqu'alors, la plupart des applications à la structure des plantes concernent une description moins détaillée que la reconstruction d'une maquette de plante, sauf pour des cas de géométrie très simple : feuilles isolées, graminées avec peu de feuilles, A. thaliana. Les deux problèmes principaux sont i) la reconstruction d'une topologie dans le nuage de points, i.e. retrouver la correspondance entre points du nuage et organes de la plante ; et ii) les parties cachées dues au masquage par les organes voisins. Au final, il nous semble que les méthodes sans contact ne pourront – au mieux – ne s'appliquer qu'à des plantes simples et surtout au feuillage peu dense. Nous explorons actuellement cette voie en collaboration avec l'INRIA.

D'un point de vue concret, nous avons développé un logiciel de digitalisation 3D des plantes basée sur le pilotage d'un digitaliseur électromagnétique Polhemus. Il s'appelle PiafDigit et est disponible sur le site http://www2.clermont.inra.fr/piaf/fr/telechargement/telecharger.php . Nous disposons aussi d'une collection d'arbres digitalisés, notamment des jeunes plants forestiers et des arbres fruitiers.

Architecture et microclimat des arbres

H. Sinoquet, M. Saudreau, N. Donès, B. Adam (EA, Clermont-Ferrand, UMR PIAF), P. Balandier (Cemagref, Nogent-sur-Vernisson)

Mots-clés :

expérimentations virtuelles, structure 3D, interception de la lumière, température d'organes, dispersion des spores

Principales collaborations :

EA et SPE, Avignon, UR PSH ; EA, Grignon, UMR EGC ; GAP et INRIA, Montpellier, UMR DAP ; SPE, Gotheron, UERI.

Publications récentes (5 maxi) :

Balandier P, Sinoquet H, Frak E, Giuliani R, Vandame M, Descamps S, Coll L, Adam B, Prévosto B, Curt T, 2007. Six-year time course of light-use efficiency, carbon gain and growth of beech saplings (Fagus sylvatica) planted under a Scots pine (Pinus sylvestris) shelterwood. Tree Physiology, 27, 1073-1082.

Pincebourde S, Sinoquet H, Combes D, Casas J, 2007. Regional climate modulates the canopy mosaic of favourable and risky microclimates for insects. Journal of Animal Ecology, 76, 424-438.

Saudreau M, Sinoquet H, Santin O, Marquier A, Adam B, Longuenesse JJ, Guilioni L, Chelle M, 2007. A 3-d model for simulating the spatial and temporal distribution of temperature within ellipsoidal fruit. Agricultural and Forest Meteorology, 147, 1-15.

Sinoquet H, Stephan J, Sonohat G, Lauri PE, Monney P, 2007. Simple equations to estimate light interception by isolated trees from canopy structure features: assessment with 3D digitized apple trees. New Phytologist, 175, 94-106.

Phattaralerphong J, Sathornkich J, Sinoquet H, 2006. A photographic gap fraction method for estimating leaf area of isolated trees: assessment with 3D digitized plants. Tree Physiology, 26, 1123-1136.

Résumé du travail en cours

Jouer sur l'architecture des arbres ou du couvert arboré est un moyen de manipuler les conditions microclimatiques au sein de la végétation. C'est ce que font les arboriculteurs en production fruitière pour optimiser la distribution de la lumière sur les sites de fructification et les forestiers pour doser la lumière dans le sous-bois. Que ce soit en foresterie ou en arboriculture, la gestion de la conduite des arbres peut avoir pour effet une amélioration des conditions environnementales subies par les plantes, favorables à la production en termes de rendement, qualité des produits ou réduction des intrants.

Notre projet vise à utiliser des expérimentations virtuelles pour analyser les relations entre i) conduite de l'arbre ou du couvert arboré, ii) structure de la végétation, iii) distribution du microclimat, et iv) réponses des plantes aux conditions microclimatiques subies.

Nous considérons que les expérimentations virtuelles sont soumises aux mêmes contraintes que les expérimentations réelles, à savoir qualité des mesures et représentativité statistique. C'est pourquoi nos expérimentations virtuelles utilisent des maquettes de plantes digitalisées plutôt que des maquettes simulées, et que les 'mesures fonctionnelles' ne concernent que des processus physiques bien connus : interception de la lumière, bilan d'énergie des organes, transferts convectifs pour la dispersion des spores.

Ce schéma général est appliqué à des systèmes fruitiers et forestiers. L'interception de la lumière est caractérisée par analyse d'images de plantes 3D (logiciel VegeSTAR disponible sur le site http://www2.clermont.inra.fr/piaf/fr/telechargement/telecharger.php). Cette approche a montré i) : qu'à l'échelle de l'individu, la croissance annuelle de la régénération forestière est étroitement liée à l'interception de lumière par les jeunes plants (produit de la lumière transmise par le couvert adulte et de la capacité individuelle du plant à capturer la lumière) ; ii) que la distribution des teneurs en sucre des fruits dans la couronne est liée à celle de l'éclairement des fruits ; iii) qu'il est difficile d'identifier quels sont les paramètres botaniques les plus impliqués dans l'interception lumineuse, car il s'agit plutôt d'une combinaison complexe de l'ensemble des paramètres. Par contre, ce type d'étude nous a permis d'estimer les paramètres de structure les plus importants pour l'interception de la lumière par un arbre isolé, grâce à une équation toute simple.

Des modèles de simulation de la distribution spatio-temporelle de la température des feuilles et des fruits ont été développés, notamment pour les coupler à des modèles de fonctionnement de bioagresseurs du pommier (tavelure, carpocapse, mineuse de feuille). A l'échelle des feuilles, nous avons montré que l'architecture de l'arbre génère une distribution de micro habitats, qui conduit à une variabilité de la durée de développement des chenilles et protège la population des évènements extrêmes, comme une canicule. Par ailleurs, les fruits présentent de larges variations spatiales de température, au sein du fruit et entre fruits d'une couronne. Nous en étudions actuellement les conséquences sur le développement d'une chenille mineuse de fruit.

Enfin, les plantes virtuelles nous ont permis de tester une méthode photographique (Tree Analyser disponible sur le site de l'UMR PIAF) qui permet d'estimer le volume de la couronne et la surface foliaire totale. En effet, les maquettes 3D permettent une mesure directe des paramètres de structure (volume et surface), et aussi de générer des photographies virtuelles de l'arbre étudié. Il est donc possible d'appliquer les algorithmes du logiciel Tree Analyser aux photographies et d'en comparer les résultats aux mesures directes. Cette utilisation des maquettes 3D de plantes nous a aussi permis d'optimiser les protocoles pour les photographies et le paramétrage de Tree Analyser.

Architecture et gestion des ressources : couplage des processus de développement et de gestion des ressources majeures de la plante (eau, C, N)

L. Pagès (EA, Avignon, Unité PSH) et collaborateurs (Cf. ci-dessous)

Mots-clés :
Modèles ; Plantes virtuelles ; Architecture ; Plasticité ; Ressources majeures ;

Principales collaborations :
Collègues de PSH (G. Vercambre, H. Gautier)
J.L. Drouet (EA, Grignon, EGC) ; A.S. Voisin (EA, Dijon, URLEG) ; C. Doussan (EA, Avignon, EMMAH)
X. Draye (Université catholique de Louvain)

Publications récentes:

Thaler P., Pagès L., 1998. Modelling the influence of assimilate availability on root growth and architecture. *Plant and Soil* **201:** 307-320
Doussan C., Vercambre G., Pagès L. 1999. Water uptake by two contrasting root systems (maize, peach tree) : results from a model of hydraulic architecture. *Agronomie* 19, 255-264
Pagès L. 1999. Root System Architecture : from its representation to the study of its elaboration. *Agronomie* 19, 295-304
Bidel L.P.R., Pagès L., Rivière L.-M., Pelloux G., Lorendeau J.-Y., 2000. MassFlowDyn I : A carbon transport and partitioning model for root system architecture. *Annals of Botany* **85**, 869-886
Vercambre G., Pagès L., Doussan C., Habib R. 2003. Architectural analysis and synthesis of the plum tree root system in an orchard using a quantitative modelling approach. *Plant and Soil* 51, 1-11
Drouet J.-L., Pagès L., 2003. GRAAL : a model of Growth, Architecture and carbon Allocation during the vegetative phase of the whole maize plant. Model description and sensitivity analysis. *Ecological modelling* 165, 147-173
Pagès L., Vercambre G., Drouet J.-L., Lecompte F., Collet C., Le Bot J., 2004. RootTyp : a generic model to depict and analyse the root system architecture. *Plant and Soil* **258***,* 103-119
Drouet J.L., Pagès L., 2007. GRAAL-CN : a model of growth, architecture and allocation for carbon and nitrogen interacting within whole vegetative plants formalised at the organ level. *Ecological Modelling (sous presse)*
Dordolot S. de; Forster B., Pagès L., Price A., Tuberosa R., Draye X., 2007. Root system architecture: opportunities and constraints for genetic improvement of crops..*Trends in Plant Science* 12, 474-482

Résumé du travail en cours

Objectif principal
Représentation de la plasticité du développement de différentes plantes soumises à des contraintes variées de disponibilité en ressources dans le milieu. Prise en compte d'autres contraintes ou interactions lors du développement (sol, mycorhizes, nodosités).

Méthodologie
Création de modèles de simulation génériques au niveau de la plante entière (système aérien et système racinaire) qui associent une modélisation explicite du développement de ses différents organes et des principales fonctions de gestion des ressources majeures (acquisition, transport, répartition).
Expérimentations visant à moduler la disponibilité en ces différentes ressources, soit de manière homogène, ou de manière hétérogène.
Analyse plus spécifique de l'effet de différentes interactions ou contraintes.
Etablissement de lois de réponse de croissance des organes à la disponibilité en ressources.

Résultats
Cf. publications

Perspectives
Elargir les gammes de validité de ces modèles, et/ou étendre leur champ d'application.
Questionner les disciplines amont (génétique, biologie végétale) pour augmenter la pertinence des formalismes intégrés dans les modèles.

Modélisation des flux dans l'architecture et allocation des ressources

A. Escobar-Gutierrez (EA, Lusignan, UR P3F), **A. Lacointe** (EA/EFPA, Clermont, UMR PIAF), L. Pagès (EA, Avignon, UR PSH), G. Vercambre (EA, Avignon, UR PSH)

Mots-clés : eau, carbone, azote, couplage, relations sources-puits, disponibilité, offre, demande, phloème, xylème, modèle empirique, modèle mécaniste

Principales collaborations :

Lusignan : INRA EVA, Caen
Dept. Computer Science, Univ. Calgary (P. Prusinkiewicz), Canada
Dept. Plant Sciences, Univ. California, Davis, (T.M. DeJong), USA

Clermont : HortResearch (P. Minchin), Te Puke, Nouvelle-Zélande
ICG-III – Phytosphäre (M. Thorpe), Jülich, RFA
Lab. de Biologie cellulaire, Institut J.P. Bourgin (S. Dinant), INRA, Versailles
Laboratoire du Futur (J. Leng), CNRS-Rhodia-Bordeaux I, Bordeaux

Avignon : INRA CSE (C. Doussan), Avignon
IRD (A. Pierret), Laos
Institut d'Agrophysique de Juelich (M. Javaux), RFA
INRA EGC (J-L Drouet), Grignon
INRA URLEG (A-S Voisin), Dijon
Université de Louvain-la-Neuve (X.Draye), Belgique

Publications récentes :

Bidel L.P.R., Pagès L., Rivière L.M., Pelloux G., Lorendeau J.Y., 2000. MassFlowDyn I : A carbon transport and partitioning model for root system architecture. *Ann. Bot.* 85, 869-886.

Drouet J.L., Pagès L., 2007. GRAAL-CN : A model of GRowth, Architecture and ALlocation for carbon and nitrogen dynamics within whole plants formalised at the organ level. *Ecological Modelling* 206, 231-249.

Génard M., Dauzat J., Franck N., Lescourret F., Moitrier N., Vaast P., Vercambre G., 2207. Carbon allocation in fruit trees: from theory to modelling. *Trees,* 931-1890 (Print) 1432-2285 (Online)

Lacointe A., Donès N., 2007. Functional –structural modelling using the generic tool PIAF-1 : a simulation example on young walnut. *Proc. 5th International Workshop on Functional-Structural Plant Models* (Napier, New-Zealand, 4-9 Nov. 2007), ed. P. Prusinkiewicz, J. Hanan, B. Lane, pp. 22-1 – 22-4.

Lacointe A, Minchin P. E. H., 2008. Modelling phloem and xylem transport within a complex architecture. *Funct. Plant Biol.,* soumis le 7 mars 2008.

Minchin P. E. H., Lacointe A, 2005. New understanding on phloem physiology and possible consequences to modelling long distance carbon transport. *New Phytol.*, **166**: 771–779.

Meuriot F., Escobar-Gutiérrez A.J. Modelling N distribution during alfalfa regrowth. *En preparation.*

Prusinkiewicz P., Allen M., Escobar-Gutiérrez A.J., De Jong T., 2007. Numerical methods for transport-resistance source-sink allocation models. *In* : J. Vos, L.F.M. Marcelis, P.H.B. de Visser, P.C. Struik (eds), *Functional-structural plant modelling in crop production*. Springer, The Netherlands, pp 123-137.

Résumé :

L'allocation des ressources (eau, C, N, avec interactions éventuelles) entre organes est à la fois un processus central, et souvent un point faible, des modèles intégrés. C'est une clé de la plasticité de la croissance vis-à-vis de la disponibilité en ressources, notamment vis-à-vis d'une ressource hétérogène dans le milieu. La description explicite de l'architecture permet de spatialiser les sources et les puits, et donc les flux de ressources. Mais on peut aussi modéliser l'allocation des ressources dans un but plus cognitif, par ex. estimer les flux de différentes formes d'une ressource (ex. azote minéral / organique) qui sont difficiles à séparer par des mesures directes.

Dans la pratique, l'échelle prise en compte va de simples compartiments puits reliés à une source commune (allocation simulée sur une base fonctionnelle, ex. allocation de l'azote pilotée par le métabolisme des différents organes), à une description très détaillée de l'architecture (segment de tige ou de racine). Dans certains cas (simulation décennale de la croissance d'un arbre par ex.), il peut-être judicieux de la modifier en cours de simulation pour conserver une complexité raisonnable et pertinente.

Il existe 2 grands types d'approches pour simuler l'allocation des ressources au sein de la plante : l'approche empirique et l'approche mécaniste.

L'approche empirique est basée sur les notions d'offre (sources) et de demande ou de croissance potentielle (puits), associées à des règles de répartition suivant ces 2 grandeurs éventuellement spatialisées. Assez rigides dans les modèles anciens (par ex. hiérarchie figée entre les différents puits), ces règles peuvent être très souples dans la génération actuelle de modèles, par ex. en faisant dépendre le coefficient d'allocation à la fois du rapport offre/demande global au niveau plante, et d'une réponse à ce rapport qui soit spécifique de l'organe considéré. Associé à une rétroaction du niveau de ressource local sur l'acquisition au niveau des sources, soit pour une ressource donnée, soit de l'une sur l'autre (C, N), ceci permet par ex. de simuler efficacement la modulation du rapport aérien / souterrain (équilibre fonctionnel). Des règles empiriques similaires peuvent être utilisées pour simuler le fonctionnement des réserves, en tant que sources ou que puits.

Si l'on a pu rassembler suffisamment de données (croissance, flux d'importation nette ou brute vers les puits, mesures biochimiques…) représentatives d'une gamme pertinente de situations, les modèles empiriques sont très efficaces du point de vue prédictif ; ce sont d'ailleurs les plus répandus. Mais hors de cette gamme, ils ne sont plus fiables, en termes de croissance potentielle et/ou de règles d'allocation. Cette question peut se poser aujourd'hui en cas d'accident exceptionnel (ex. rabattage de la plante, naturel ou non), et risque de se poser beaucoup plus demain en raison des changements climatiques.

Dans ces conditions, l'approche mécaniste du problème peut s'avérer plus robuste, y compris en termes prédictifs. Dans le cas de l'allocation entre organes, il s'agit d'expliciter le moteur du transport à longue distance ainsi que les fonctions locales d'échange entre voies de

transport et tissus voisins, qui sont des versions biophysiques ou biochimiques des concepts de force de source ou de puits.

Dans le cas de l'eau, la circulation xylémienne se modélise par l'architecture hydraulique, i.e. la cartographie des résistances xylémiennes au sein de l'architecture et entre les tissus et l'environnement, paramètres d'accès relativement aisé. Le modèle calcule le champ de potentiel hydrique et les flux associés, avec par ex. des applications à la spatialisation de croissance des fruits dans la couronne ou de l'absorption d'eau au sein du système racinaire. A noter qu'il s'agit le plus souvent d'une approche à l'équilibre, i.e. ignorant les phénomènes dynamiques liés par exemple aux réservoirs d'eau que constituent les tissus périphériques d'un tronc.

Le même type d'approche, représentant la plante comme un réseau, peut s'appliquer à la répartition du carbone. La première génération des modèles de ce type ('transport-resistance' models) considérait le transport du seul C. Ceci est assez éloigné du mécanisme réel de la circulation phloémienne, qui est un couplage eau-carbone et phloème-xylème (flux de masse poussé par un gradient de pression hydrostatique d'origine osmotique : modèle de Münch, 1928) ; néanmoins l'approche 'transport-resistance' a encore cours aujourd'hui en raison du nombre de paramètres relativement limité requis, même si les 'résistances' ne sont pas mesurables.

La modélisation de type Münch 'vraie', i.e. intégrant les flux d'eau associés, est apparue plus récemment, d'abord à l'équilibre, puis en dynamique. Cette approche a par ex. permis de simuler la croissance différentielle des racines suivant leur diamètre ; elle a aussi mis en évidence l'influence des potentiels xylémiens ou de la transpiration foliaire sur les flux phloémiens et la répartition du carbone entre puits, ou encore les variations journalières de diamètre des rameaux, toutes choses confirmées par l'expérience. Mais elle se heurte à un verrou majeur : le paramétrage et la validation, car les résistances phloémiennes et les propriétés d'échanges latéraux sont très difficilement accessibles. D'où la collaboration avec des spécialistes de la physiologie phloémienne (mesure des flux au ^{11}C et propriétés dynamiques des sources et des puits). En revanche, le verrou que constituait naguère la résolution numérique du cas dynamique n'en est plus vraiment un aujourd'hui, grâce aux récents progrès accomplis par les numériciens. Ce qui n'empêche pas de se poser la question de la pertinence d'un allègement des effets dynamiques à court terme.

Organisation et Dynamique des Peuplements et des Paysages

UMR AMAP, Montpellier : **D. Auclair** (INRA), P. Couteron (IRD), F. de Coligny (INRA), H. de Foresta (IRD), C. Gaucherel (INRA), S. Griffon (CIRAD), P. Heuret (INRA), M. Jaeger (INRIA et CIRAD), M. Laurans (CIRAD), R. Lecoustre (CIRAD), J.F. Molino (IRD), F. Munoz (UM2), R. Pélissier (IRD), C.Proisy (IRD), D. Sabatier (IRD), A. Stokes (INRA), G. Vincent (IRD)

Mots-clés :

biodiversité – bioinformatique –développement durable – dynamique des populations et des peuplements – écologie –génie logiciel – image, réalité virtuelle – modélisation mathématique et simulation – modélisation des systèmes complexes –statistique – systématique – botanique

Principales collaborations :

Université de Montpellier II et nombreuses UMR sur Montpellier.
INRIA : projets Digiplante (Saclay, avec ECP), Metalau et Imedia (Rocquencourt), Evasion (Grenoble), Virtual Plants (Montpellier) LIAMA (Laboratoire franco-chinois d'Informatique, d'Automatique et d'inforMatique Appliquée, Beijing, Chine).
UMR BBE (Biométrie et Biologie Évolutive, Lyon), LRBB (Laboratoire de Rhéologie du Bois de Bordeaux), CESBIO (Centre d'Études Spatiales de la Biosphère, Toulouse), ECOFOG (ÉCOlogie des Forêts de Guyane, Kourou).
IFP (Institut Français de Pondichéry, Inde). Universités de Wageningen et d'Utrecht, Université libre de Bruxelles, EFI (European Forest Institute), METLA (Finnish Forest Research Institute), Université d'Helsinki. World Agroforestry Centre (ex-ICRAF). INRA (Maroc), universités d'Oujda et de Rabat, INAT (Institut National Agronomique de Tunisie). MRN (Ministère des Ressources Naturelles, Canada), jardin botanique de New York (USA), CATIE (Centre de Recherches et d'Enseignement en Agronomie Tropicale, Costa Rica), UENG (Universidad Experimental Nacional de Guyana, Vénézuela), SCION (Nouvelle Zélande). Nombreux contacts avec divers jardins botaniques et herbiers du monde entier.
Partenariat industriel avec Bionatics

Publications récentes :

Gaucherel C., Fleury, D., Auclair D., Dreyfus P., 2006. Neutral models for patchy landscapes. *Ecological Modelling*, **197** (1-2): 159-170

Jin C., Ciochon R.L., Dong W., Hunt R.M.J., Liu J., Jaeger M., Zhu Q. 2007. The first skull of the earliest giant panda. *Proceedings of the National Academy of the United States of America*, **104** (26): 10932-10937.

Munoz F., Couteron P., Ramesh B.R., Etienne R.S. 2007. Estimating parameters of neutral communities: from one Single Large to Several Small samples. *Ecology*, **88** (10):2482-2488

Pélissier, R., Couteron, P., 2007. An operational, additive framework for diversity partitioning and beta-diversity analysis. *Journal of Ecology*, **95**(2): 294–300

ter Steege, H., Pitman, N.C.A., Phillips, O.L., Chave, J., Sabatier, D., Duque, A., Molino, J.-F., Prévost, M.-F., Spichiger, R., Castellanos, H., von Hildebrand, P., Vasquez, R., 2006. Continental-scale patterns of canopy tree composition and function across Amazonia. *Nature*, **443**(7110) : 444-447

Résumé du travail en cours :

Les recherches menées à l'UMR AMAP sur la phylogénie, la floristique et la systématique, et sur les formes et structures des végétaux, sur leur croissance et leur développement, fournissent des méthodes et des connaissances qu'il est ensuite possible d'assembler dans des

outils quantitatifs d'analyse, de modélisation et de simulation des peuplements et des paysages. L'objectif de l'équipe "Organisation et Dynamique des Peuplements et des Paysages" est de comprendre, puis prédire, à différentes échelles spatio-temporelles, l'organisation et la dynamique des couverts végétaux, essentiellement forestiers et agroforestiers, et des paysages, en s'attachant particulièrement à :

- L'analyse de l'organisation spatiale de la diversité des peuplements forestiers hétérogènes à des échelles (paysage, région) compatibles avec des objectifs de gestion et/ou de conservation. Il s'agit d'analyser les variations spatiales de la composition spécifique des couverts forestiers hétérogènes, afin de comprendre les processus biologiques qui les sous-tendent, ainsi que de modéliser, puis prédire ces variations à différentes échelles spatiales, du peuplement à la région, de manière à fournir aux gestionnaires des concepts, méthodes et outils leur permettant de raisonner leur action en matière de gestion et/ou de conservation des ressources naturelles.
- La description et la simulation de la structure et la dynamique des peuplements végétaux en liaison avec la variabilité et la plasticité architecturale des individus. Il s'agit de comprendre, puis de prédire la dynamique des peuplements, plus particulièrement forestiers et agroforestiers. Pour étudier la structure et la dynamique de peuplements hétérogènes ou de systèmes agroforestiers, on est amené à s'intéresser à l'occupation de l'espace par les plantes, et donc à leur structure tridimensionnelle. On se base principalement sur les connaissances acquises par ailleurs sur la structure, le développement architectural et la plasticité phénotypique des plantes individuelles.
- La compréhension, la modélisation et la représentation de la dynamique spatiale des paysages. Le développement des outils de simulation 3-D des plantes a abouti à des logiciels de visualisation 3-D des paysages, dont une partie a été transférée vers un partenaire industriel. Les recherches se poursuivent par l'amélioration des concepts et méthodes informatiques pour développer une nouvelle génération de visualisateurs en "temps réel" de paysages en interaction avec l'environnement. Par ailleurs la représentation, la simulation et la modélisation 3-D de peuplements et de paysages sont mis en œuvre dans un objectif de gestion des écosystèmes naturels, et plus particulièrement de conception d'outils d'aide à la décision. Dans le domaine de l'éco-ingénierie, l'accent est mis sur le développement d'outils de simulation, afin d'une part d'étudier les mécanismes de renforcement des pentes par les racines, et d'autre part d'enrichir un système d'aide à la décision (SDSS) via des scénarios sylvicoles.

Ces connaissances sont intégrées dans des outils de modélisation et de simulation, dans une optique d'ingénierie écologique et d'aide à la gestion et à la conservation des ressources et milieux naturels. Des maquettes tridimensionnelles dynamiques sont développées en vue de reconstituer et visualiser l'évolution de l'environnement et les conséquences de stratégies de gestion des territoires.

Quand l'architecture de la plante et du couvert pilote les épidémies. Qu'attendre d'une approche 'plantes et peuplements virtuels' en phytopathologie ?

B. Tivoli (SPE, Rennes, UMR BiO3P) et A. Calonnec (SPE, Bordeaux, UMR SV)

Mots-clés :
bioagresseurs, maladies fongiques, modélisation, conduite de culture

Principales collaborations :
Membres des équipes du Réseau 'Epidémiologie-Architecture' (EpiArch) :
- Blé/maladies fongiques aériennes (Grignon EA-SPE)
- Pois/ascochytose (Rennes SPE-GAP, Toulouse MIA)
- Igname/anthracnose (Guadeloupe EA-SPE)
- Pomme de terre/mildiou (Rennes SPE-GAP)
- Vigne/oïdium (Bordeaux SPE- Bordeaux Université : math appli.)
- Pommier/tavelure (Clermont EA-Gotheron SPE)
- Pommier/carpocapse (Avignon SPE/EA-Clermont EA)

Publications récentes (5 maxi) : voir les publications spécifiques dans les résumés 'flash'

Tivoli B, Le May C., Schoeny A., Jeuffroy MH., Ney B., 2005.Impact de l'anthracnose sur le fonctionnement d'un couvert de pois et sur le rendement au champ. In Agrophysiologie du pois protéagineux, Ed. UNIP/Agro.M/Arvalis Institut du végétal/INRA, p 197-207.

Tivoli B., Banniza S., 2007. Comparative epidemiology of *ascochyta* blights on grain legumes. European Journal of Plant Pathology, 119: 59-76.

Résumé du travail en cours (50 lignes maxi en Arial 11) :
Préciser la question de recherche, les aspects méthodologiques (modèles, méthodes), les ressources données-outils, les enjeux-verrous, les résultats 'phares', les perspectives)

Cet exposé a davantage pour objectif de proposer une démarche et de poser un questionnement, que de présenter des résultats.

Contexte et enjeux scientifiques
Pour réduire le développement épidémique des maladies aériennes des plantes, il s'avère nécessaire de **trouver de nouveaux leviers** sur lesquels il pourrait être possible d'agir. Une possibilité encore peu exploitée est d'intervenir non pas directement sur le bioagresseur, comme le font les biocides ou les mécanismes de défense induits chez la plante suite à l'infection, mais via les caractéristiques des plantes et des couverts hôtes permettant de limiter la dispersion et la multiplication des parasites voire, d'échapper à l'infection. Dans **l'optique de protection durable, la plante et/ou le couvert végétal** (architecture) avec éventuellement ses caractéristiques de **résistance** (résistance partielle, résistance ontogénique, tolérance) sont placés **au cœur du système de protection**.
.
Problématique, objectifs et questions de recherche
Le rythme de développement et croissance de certains organes, les interventions mécaniques (tailles, élagages, arcures), les interventions en cours de saison (écimages, échardage), les interventions culturales (densités, associations végétales) et les génotypes utilisés (caractéristiques phénotypiques telles que la hauteur ou la ramifications), sont autant l'éléments susceptibles de modifier le développement, la sensibilité et l'architecture des plantes et du

couvert. La question est alors de savoir **quelles sont les conséquences de ces modifications sur les processus épidémiques ?** Comment l'interception de l'inoculum sera-t-elle modifiée? Comment l'épidémie évoluera-t-elle en fonction des évènements favorables et de conditions induites par le couvert (microclimat par exemple) ? Pouvons nous exploiter ces modifications pour réduire les épidémies ? Nous sommes face à un binôme complexe et la nécessité de recourir à la modélisation s'impose.
Pour répondre à ces questions nous devons **modéliser les interactions dynamiques** entre le développement de la plante et le développement des épidémies. De plus, nos investigations doivent conduire au développement de modèles qui pourront présenter un **niveau de généricité** suffisant pour pouvoir être extrapolable**s** à plusieurs pathosystèmes.

Trois questions de recherche sont posées :
- Comment l'architecture pilote-t-elle le développement de l'épidémie ?
- Comment s'appuyer sur la résistance de la plante pour limiter le développement de l'épidémie?
- Comment ce développement épidémique conduit-il à des pertes de récolte?

Représentation des plantes
Du côté du pathologiste, un double constat s'impose :
- la maladie se développe sur un support qu'il faut représenter
- la maladie est la conséquence d'une succession de processus complexes

Il s'agit donc de prendre en compte des éléments de développement de la plante et de son architecture susceptibles d'avoir un rôle majeur dans le développement épidémique et de considérer les processus épidémiques les plus pertinents à l'échelle de la plante et plus certainement du couvert. Les intéractions sont dynamiques et peuvent concerner des échelles de temps très variables selon les pathosystèmes. Il s'avère pourtant nécessaire pour comprendre et utiliser les mécanismes en jeu, **de trouver le compromis idéal** entre la représentation réaliste et complexe des interactions et la simplification indispensable à la représentation plante-couvert/maladie et nécessaire à leur généricité.

En ce qui concerne la plante, nous devons préciser comment la décrire à des fins d'utilisation pour la compréhension des phénomènes épidémiologiques : **établir un choix** parmi les nombreux paramètres qui caractérisent le développement de la plante. Ce choix doit conduire à une **représentation simplifiée, plus ou moins explicite** mais qui présente l'avantage de 'faire parler' la maladie. Pour aider ce choix, **des clés de lecture sont offertes** : relations structure du couvert/microclimat et infection/extension de la maladie, relations structure du couvert et dispersion (effet barrière/effet relai), relation âge physiologique des organes et réceptivité (résistance ontogénique).
Est-ce que le choix de représentation de plantes virtuelles est le bon? Il nécessite de toute mannière une réflexion pluridisciplinaire approfondie (entre pathologistes, écophysiologistes, bioclimatologistes, généticiens, modélisateurs,**…**).

Caractéristiques du modèle idéal
Pour décrire les relations entre la plante et le développement épidémique, le modèle pertinent devrait présenter les **caractéristiques** suivantes :
- **modèle mécaniste** à vocation de recherche incluant des paramètres d'entrée liés à la plante (phénotype, mode de conduite) et à la maladie (date d'apparition, sévérité,**…**);
- **modèle simplifié** ne prenant en compte que les paramètres indispensables explicatifs d'une observation globale. La question étant de définir le degré de simplification acceptable.

- **modèle permettant d'élaborer des scénarii d'applications agronomiques** telles que la conception d'un idéotype (plante robot) adapté à différentes situations pédoclimatiques ou d'une pratique culturale économe en intrants phytosanitaires.

Les équipes en marche

Modéliser et utiliser la relation entre le développement de la plante et les épidémies est une démarche relativement récente en protection des plantes et nécessite l'organisation des recherches et la mutualisation des approches et des savoir-faire. Elle permet le **rapprochement de certaines équipes SPE, EA, GAP et MIA** afin de soutenir la réflexion des différentes équipes travaillant sur cette thématique et de permettre les **échanges scientifiques interdisciplinaires.**

Que retenir ?

Est-ce que le couplage entre plantes virtuelles et agents pathogènes peuvent nous permettre de répondre à nos objectifs ?

- un besoin avéré de représentation de la plante
- une démarche sur objectif (ex objectif 'épidémiologie' vs 'écophysiologie')
- une démarche pluridisciplinaire
- une nécessité de généricité
- la prise en compte dans certains cas de état physiologique de tel ou tel rgane

Quel apport des Plantes Virtuelles pour étudier la génétique des plantes et leurs interactions avec l'environnement ?

E. Costes (DGAP, UMR DAP, Montpellier),
C. Welcker (DGAP, UMR Lepse, Montpellier),
C. Giauffret (DGAP, UMR Stress abiotiques et différenciation des végétaux cultivés, Mons),
B. Quilot (DGAP, UGAFL),
F. Tardieu (EA, UMR Lepse, Montpellier)

Mots-clés :
Génétique, environnement, QTL, modèles, plantes virtuelles

Principales collaborations :
Equipe Projet INRIA Virtual Plants, Université de Calgary (Canada), Université de Davis (USA), HortResearch (NZ), Université du Queensland et CSIRO (Australie)

Publications récentes :
[1] Chenu, K, Chapman SC Hammer GL, McLean G, Ben Haj Salah H, Tardieu F (2008) Short-term responses of leaf growth rate to water deficit scale up to whole-plant and crop levels: an integrated modelling approach in maize. Plant Cell Environment **31**, 378–391
[2] Hammer G, Cooper M, Tardieu F, Welch S, Walsh B, Van Eeuwijk F, Chap^man S, Podlich D (2007). Models for navigating biological complexity in breeding improved crop plants. ***Trends in Plant Science, 11, 587-593***
[3] Segura V., Cilas C. and Costes E. 2008 Dissecting apple tree architecture into genetic, ontogenetic and environmental effects. I: Mixed linear modelling of repeated spatial and temporal measures. *New Phytologist*. (OnlineEarly Articles) doi:10.1111/j.1469-8137.2007.02374.x.
[4] Smith, C., Godin, C., Guédon Y., Prusinkiewicz P. and E. Costes. On the Simulation of Apple Tree Development Using Mixed Statistical and Biomechanical Models. Accepted in 5th Intern. Workshop on functional-Structural Plant Models. Napier, New-Zealand, 4-9 Nov. 2007.
[5] Tardieu F (2003). Virtual Plants : modelling as a tool for the genomics of tolerance to water deficit. ***Trends in Plant Science, 8, 9-14***

Résumé du travail en cours :

Quel apport peut avoir la modélisation de plantes virtuelles pour analyser génétiquement les interactions génotype environnement ? Au travers de nos expériences, il apparaît qu'il existe actuellement un antagonisme entre, d'une part les étude génétiques qui reposent sur la description du phénotype d'un grand nombre d'individus et, d'autre part, les modèles spatialisés des organes de la plante qui requièrent des procédures lourdes de phénotypage et un nombre important de répétitions pour l'estimation des paramètres. La modélisation est en fait utilisée à deux étapes de l'analyse génétique.
- La première consiste à découvrir les zones génomiques ou les gènes associés aux réponses des caractères étudiés aux conditions environnementales ou aux interactions génotype x environnement. Elle est menée sur un grand nombre de plantes, entre la centaine et le millier suivant les méthodes utilisées (lignées recombinantes ou génétique d'association). L'approche utilisée jusqu'à présent a consisté à décomposer le phénotype en composantes élémentaires sur lesquelles des études génétiques sont réalisées, par exemple la modélisation des processus de ramification ou des sensibilités aux conditions environnementales. L'analyse génétique est

menée sur les paramètres des modèles élémentaires. Cette méthode est souvent de type statistique et ne requiert pas d'hypothèse forte sur les déterminismes biologiques des processus analysés. C'est l'analyse des gènes associés au phénotype qui renseigne sur la nature des mécanismes mis en jeu. Des variables architecturales utilisées en modélisation 3D peuvent être analysées de cette manière, par exemple des angles d'insertion de feuilles, des caractères associés à la ramification, la distribution des tailles de feuilles la plante, ou la réponse de la vitesse aux conditions environnementales. La modélisation fournit un cadre d'analyse de la variabilité, elle permet d'orienter le phénotypage et d'accéder à des variables difficilement mesurables, (par exemple le rayonnement intercepté, l'efficience d'interception du rayonnement, la transpiration). En revanche, l'analyse génétique ne porte pas sur l'ensemble des paramètres impliqués dans la croissance, tels qu'ils peuvent être déterminés par estimation des paramètres d'un modèle mécaniste. En effet, ces paramètres sont souvent fortement corrélés entre eux ce qui pose problème pour l'analyse génétique.
- La seconde consiste à tester si la variabilité allélique observée sur un locus produit les phénotypes attendus, et à découvrir les effets induits de ces différences phénotypiques sur des caractères intégratifs comme l'architecture des plantes ou leur croissance intégrée sur des périodes longues. Cette seconde étape peut être menée sur un nombre plus réduit de plantes, entre la dizaine et la centaine, par exemple sur des lignées d'introgression. C'est sur cette seconde étape que des approches intégrées de type plantes virtuelles peuvent être menées. L'association entre les analyses génétiques de la première étape et celles de test de modèles génétique ne peut s'opérer que si les caractères analysés dans la première étape peuvent être utilisés en modélisation des plantes. Il s'agit alors d'une analyse de la sensibilité des variables intégrées aux QTLs de variables élémentaires.

Cette démarche a été utilisée dans plusieurs travaux qui seront présentés. (i) La qualité de la pêche et sa décomposition en caractères génétiques et environnementaux, (ii) l'architecture d'un arbre et sa décomposition en variables élémentaires, (iii) la croissance foliaire du maïs, sa réponse aux conditions environnementales à l'échelle de la feuille individuelle (première étape ci dessus), et l'analyse par modélisation de l'effet des QTLs de sensibilité aux conditions environnementales sur l'architecture et le rendement du maïs (seconde étape ci dessus).

Enfin, nous discuterons de perspectives qui nous semblent prometteuses pour améliorer les méthodes et résoudre l'antagonisme entre études génétique et phénotypage. Elles concernent à la fois le choix du matériel génétique étudié et les méthodes de phénotypage.

Modélisation des interactions architecture – biomécanique de l'arbre

T. Fourcaud (CIRAD, Montpellier, UMR AMAP)

Mots-clés :
Biomécanique, stabilité de l'arbre, ancrage racinaire, contraintes de croissance, tropismes, architecture, acclimatation, plasticité

Principales collaborations :
Projet Equipe INRIA Digiplante
LIAMA, Pékin, Chine
Chinese Agricultural University, Pékin, Chine
Beijing Forestry University, Pékin, Chine
UMR BIOGECO, Bordeaux
UR INRA EPHYSE, Bordeaux

Publications récentes :

Fourcaud T, Zhang XP, Stokes A, Lambers H, Koerner C. 2008. Plant growth modelling and applications: the increasing importance of plant architecture in growth models. Annals of Botany In press.
Fourcaud T, Ji JN, Zhang ZQ, Stokes A. 2008. Understanding the impact of root morphology on overturning mechanisms: a modelling approach. Annals of Botany: doi:10.1093/aob/mcm1245.
Fourcaud T, Zhang XP. 2008. Proceedings PMA06 : 2006' International symposium on plant growth modeling, simulation, visualization and their applications. IEEE Computer Society, Los Alamitos, California. In press.
Sellier D, Brunet Y, Fourcaud T. 2008. A numerical model of tree aerodynamic response to a turbulent air flow. Forestry In press.
Dupuy L, Fourcaud T, Lac P, Stokes A. 2007. A generic 3D finite element model of tree anchorage integrating soil mechanics and real root system architecture. American Journal of Botany 94: 1506-1514.

Résumé du travail en cours :

La biomécanique des plantes constitue un domaine de recherche encore relativement peu exploré, bien que de plus en plus considéré comme un des facteurs clef de l'évolution du monde végétal. Ces recherches portent essentiellement sur la fonction de support assurée par les cellules lignifiées, ainsi que sur les processus actifs de réorientation des axes (tropismes). Chez les arbres, la fonction de support et les tropismes secondaires sont assurés par le bois et permettent à la plante de se développer en suivant des stratégies d'occupation de l'espace propres à son espèce et à son milieu.

Au sein de l'UMR AMAP, notre intérêt porte sur l'étude des interactions entre la biomécanique et les architectures aérienne et racinaire. Les deux principales questions scientifiques sous-jacentes sont :

Quelle est l'influence de l'architecture (topologie et géométrie) sur l'état mécanique d'un arbre soumis à des sollicitations statiques (poids propre, neige) ou dynamiques (vent).

Ce point a déjà fait l'objet de nombreuses études mettant en œuvre des modèles d'interactions racines/sol (ancrage racinaire, voir Dupuy et al. 2007 et Fourcaud et al. 2008 par exemple) et arbre/vent (dynamique de l'arbre). Ces modèles de biomécanique sont basés sur la méthode des éléments finis (mef) appliquée à des plantes virtuelles dont l'architecture est déterminée à un stade de développement donné soit à partir d'arbres réels digitalisés, soit en utilisant des maquettes 3D générées par des simulateurs tels qu'AMAPsim.

Quelle est l'influence de l'état mécanique (déformations, contraintes, arcures, fréquences de vibration) d'un arbre sur sa morphogénèse.

La réponse de la croissance des plantes à des sollicitations mécaniques externes (forces de gravité, vent, etc.) est connue sous le nom de thigmomorphogénèse (Jaffe, 1973). Même si ce phénomène a fait l'objet de nombreuses études expérimentales, les mécanismes physiologiques mis en jeu sont encore mal connus. De nombreuses hypothèses introduisent le concept de formes optimales chez les végétaux (Niklas, 1992), cependant ce concept reste assez flou étant donné les nombreuses fonctions et objectifs associés aux différents organes de la plante, ainsi que les différents types de sollicitations statiques ou dynamiques considérés (Niklas, 1998).

Les modèles de simulation constituent une alternative intéressante aux études expérimentales, permettant de formuler et de tester des hypothèses sur la croissance des plantes, et en particulier sur les stratégies possibles d'allocation des assimilats sous contraintes mécaniques (vent, poids propre, etc.). Ces outils de simulation doivent intégrer à la fois les processus de croissance, en particulier la mise en place de l'architecture aérienne et les réponses biomécaniques de la plante de type tropismes. De tels modèles ont déjà été mis en œuvre à AMAP (Fourcaud et al., 2003), mais ils ne permettent pas en l'état de prendre en compte la rétroaction complète de l'état mécanique sur la croissance de la plante, c'est-à-dire les différentes stratégies d'investissement de la matière sèche pour la réalisation d'un objectif à caractère biomécanique.

Nous nous proposons donc de modéliser et d'étudier ces rétroactions de façon théorique à partir de la mise en œuvre d'un simulateur prototype sur les bases du modèle Greenlab dans le simulateur Digiplante (Yan et al., 2004), prenant en compte l'architecture aérienne et racinaire, les processus de croissances primaire et secondaire ainsi que la réponse biomécanique liée à la formation du bois de réaction.

Références:

Fourcaud T., Blaise F., Lac P., Castera P., de Reffye P., 2003, Numerical modelling of shape regulation and growth stresses in trees PART II : implementation in the AMAPpara software and simulation of tree growth, Trees, 17:31-39

Jaffe M.J., 1973, Thigmomorphogenesis: the response of plant growth and development to mechanical stress. Planta 114:143-157

Niklas K.J., 1992, Plant Biomechanics An Engineering Approach to Plant Form and Function University of Chicago Press

Niklas K.J., 1998, Effects of vibration on mechanical properties and biomass allocation pattern of Capsella bursa-pastoris (Crucierae), Annals of botany, 82:147-156

Yan H-P, Kang MZ, De Reffye P, Dingkuhn M. 2004. A dynamic, architectural plant model simulating resource-dependent growth. Annals of Botany 93: 591-602.

Fire Paradox Fuel Manager : Un gestionnaire de combustible pour la modélisation des incendies de forêt

E. Rigolot (EFPA Avignon, UR629), I. Lecomte (EFPA Avignon, UR629), O. Vigy (EFPA Avignon, UR629), F. de Coligny (EFPA Montpellier, UMR 931)

Mots-clés : Incendie de végétation ; modélisation du combustible ; CAPSIS ; base de données ; modèle de propagation du feu

Principales collaborations :

- INRA, UR 629 Ecologie des Forêts Méditerranéennes (URFM), F-84914 Avignon
- INRA, Unité Mixte de Recherche AMAP, F-34398 Montpellier
- Ecole des Mines de Paris – Sophia Antipolis, Pôle Cindyniques, F-06904 Sophia Antipolis
- Swiss Federal Institute for Forest, Snow and Landscape Research (WSL), S- 6500 Bellinzona, Suisse

Publications récentes :

Vigy O. 2004. Génération automatique de profils de végétation pour la simulation de la propagation d'un feu de forêt. Mémoire de DESS Géomatique et conduite de projets de développement, Université d'Avignon, INRA-URFM-PIF, Avignon, Ecole des Mines de Paris à Sophia Antipolis, 66p.

Vigy O., Rigaud E. 2006. Schedule of the fuel editor project. Fire Paradox : An Innovative Approach of Integrated Wildland Fire Management Regulating the Wildfire Problem by the Wise Use of Fire: Solving the Fire Paradox. Deliverable D6.1-1, 5p.

Vigy O., Rigaud E. 2006. Detailed definition of the data structure and functionalities of the software. Fire Paradox : An Innovative Approach of Integrated Wildland Fire Management Regulating the Wildfire Problem by the Wise Use of Fire: Solving the Fire Paradox. Deliverable D6.1-2, 14p.

Vigy O., Rigaud E. 2007. Technical analysis of the software. Fire Paradox : An Innovative Approach of Integrated Wildland Fire Management Regulating the Wildfire Problem by the Wise Use of Fire: Solving the Fire Paradox. Deliverable D6.1-3, 9p.

Vigy O. 2007. FuelManager Software (initial version). Fire Paradox : An Innovative Approach of Integrated Wildland Fire Management Regulating the Wildfire Problem by the Wise Use of Fire: Solving the Fire Paradox. Deliverable D6.1-4a, 57p.

Résumé du travail en cours

Le projet s'inscrit dans le cadre du projet intégré européen du 6°PCRD « Fire Paradox : An innovative approach of integrated wildland fire management regulating the wildfire problem by the wise use of fire : solving the fire paradox. ». Ce projet d'une durée de 4 ans a débuté en mars 2006 et comprend 35 partenaires de 16 pays différents. Il est coordonné par L'Institut Supérieur d'Agronomie à Lisbonne et l'UR629 de l'INRA d'Avignon en est co-coordinateur. L'application informatique *Fire Paradox Fuel Manager* s'inscrit dans les développements

technologiques réalisés durant ce projet intégré, à l'interface entre le domaine scientifique et celui du transfert des connaissances.
Cette application s'intègre dans une chaîne de traitement de données entre la base de données européenne sur le combustible *EuroForestFuel* et des modèles physiques de comportement du feu en trois dimensions. Elle fournit des fonctionnalités de manipulation de scènes de végétation et de visualisation des impacts du feu sur la végétation, et proposera à terme des fonctionnalités de visualisation de la dynamique de régénération après feu.

L'objectif scientifique est la représentation d'une scène de végétation et sa transformation en un complexe de combustible avec l'ensemble des paramètres nécessaires à un modèle physique de propagation du feu.
L'objectif technologique est le développement d'une plateforme ergonomique de manipulation de scène de végétation afin de générer les fichiers d'entrée des modèles physique de propagation du feu. Ces fichiers d'entrée décrivent la composition et la structure du complexe de combustible en prenant en compte les propriétés physiques, chimiques et thermiques des différentes familles de combustibles des strates de végétation (couverture morte, herbes, arbustes et arbres) qui composent la scène de végétation.
L'analyse des technologies disponibles nous a conduit à rejoindre le projet Capsis [1] et à co-développer avec l'équipe INRA-AMAP le nouveau module - « *FireParadox* » - qui met en œuvre la structure de données et les fonctionnalités du *Fire Paradox Fuel Manager*. Un éditeur de scènes de végétation 3D a été développé : il permet d'interagir de manière dynamique avec la scène (fonctionnalités de zoom, rotation, etc.) ainsi qu'avec les objets de végétation 3D (déplacement, ajout, suppression, etc.) via une interface utilisateur graphique. Des fonctionnalités ont été développées afin d'analyser et de décrire le contenu de la scène de végétation ou de la sélection courante à l'aide d'indicateurs pertinents sur les caractéristiques du combustible. Plusieurs options de création de scènes sont prévues, et en particulier la génération automatique sur un jeu de contraintes (recouvrement et agrégation d'espèces dominantes).
L'application est connectée via Internet à la base de données objet *EuroForestFuel* et elle gère les droits utilisateurs. Actuellement la base de données est hébergée sur le serveur du WSL en Suisse, partenaire Fire Paradox chargé de son développement. Une procédure d'export vers le modèle feu a été développée par le partenaire INRA-AMAP Montpellier.
Le *Fire Paradox Fuel Manager* permet de visualiser les effets du feu sur la végétation (carbonisation du tronc, dommages à la couronne), ce qui conduit à envisager à terme un couplage retour avec le modèle de propagation du feu.
En perspectives, il est prévu de valoriser les potentialités de la plateforme Capsis pour visualiser les dynamiques de reconstitution post incendie, ce qui fera de cet outil technologique une plateforme de formation en écologie du feu.

Références

[1]. de Coligny F., 2008. Efficient Building of Forestry Modelling Software with the Capsis Methodology. In: Fourcaud T, Zhang XP, eds. PMA06 - Plant Growth Modelling and Applications. Los Alamitos, California: IEEE Computer Society, in press

Couplage du développement de la vigne et de la dynamique épidémique des maladies aériennes

Un modèle hôte – pathogène pour étudier les facteurs de développement des épidémies

A. Calonnec, P. Cartolaro (SPE, INRA Bordeaux, UMR 1065), M. Langlais (MAB, Institut de Mathématique de Bordeaux, UMR CNRS 5251)

Mots-clés : systèmes hôte/pathogène, modèle architectural, développement invasif, dispersion, *Erysiphe necator, Vitis vinifera.*

Principales collaborations :
J. Roman (INRIA, Equipe SATANAS, Labri, Bordeaux)

Publications récentes (5 maxi) :

Calonnec A, Cartolaro P, Naulin J, Bailey D, Langlais M (2008) A host-pathogen stimulation model: powdery mildew of grapevine. *Plant Pathology, doi: 10.1111/jl365-3059-2007-01783*.

Burie JB, Calonnec A, Langlais M (2007) Modeling of the Invasion of a Fungal Disease over a Vineyard. Mathematical Modeling of Biological Systems. Series: Modeling and Simulation in Science, Engineering and Technology II, 11-21.

Calonnec A, Latu G, Naulin JM, Roman J, Tessier G (2005) Parallel simulation of the propagation of Powdery Mildew in a vineyard. *Computer Science*, 3648, 1254-1264.

Thebaud G, Peyrard N, Dallot S, Calonnec A, Labonne G (2005) Investigating disease spread between two assessment dates with permutation tests on a lattice. *Phytopathology*, 95, 1453-1461.

Calonnec A, Cartolaro P, Deliere L, Chadoeuf J (2006) Powdery mildew on grapevine: the date of primary contamination affects disease development on leaves and damage on grape. *IOBC/wprs Bulletin*, 29, 67-73.

Résumé du travail en cours

Nous avons développé un modèle épidémiologique qui simule la croissance d'un cep de vigne couplée à la dispersion et à la dynamique de développement d'un champignon à dispersion aérienne, *Erysiphe necator* (oïdium). Notre système vigne /oïdium est caractérisé par une population "hôte" présentant un haut niveau de structuration spatiale et une architecture du couvert végétal complexe montrant des changements rapides de développement et de sensibilité à l'échelle de la plante et évoluant au cours de la saison. Différentes opérations culturales sont susceptibles de modifier cette mise en place du couvert végétal aussi bien quantitativement que qualitativement en terme de sensibilité au champignon. *Erysiphe necator* est un champignon biotrophe obligatoire, fortement dépendant de l'état de réceptivité de son hôte. Il est responsable d'épidémies polycycliques pouvant se disperser très rapidement à l'échelle de la parcelle. Pour autant les dégâts engendrés sont fortement liés aux conditions initiales (dates et quantité d'inoculum primaire). Nous avions donc besoin d'un outil pour étudier ces interactions dynamiques ainsi que leur potentialité à être exploitées dans le but de modifier le cours et la gravité des épidémies.

Les objectifs du modèle présenté sont de 1) quantifier et hiérarchiser les facteurs de l'hôte, et de l'agent pathogène qui ont le plus d'impact sur le développement de l'épidémie, 2) simuler la dynamique spatio-temporelle de croissance de l'hôte et de l'épidémie à partir de différents

scénarii : conditions climatiques, conduites culturales, positionnement de l'agent pathogène, afin d'identifier et d'explorer les situations les plus favorables au développement des épidémies.

Les variables d'entrée du modèle concernent le climat (température, vitesse et direction du vent). Les variables environnementales dictent la croissance de la plante ainsi que le développement et la dispersion de l'agent pathogène (période de latence, infection, croissance des lésions, production de spores, arrachage et dispersion). Des paramètres d'entrée caractérisent le système de production (nombre de bourgeons, distance entre eux, vigueur, dates et hauteur d'écimage, surface des feuilles, sensibilité, …), l'initiation des épidémies (localisation et date des contaminations primaires). et les caractéristiques de l'agent pathogène (vitesse de développement, sporulation…). Les sorties décrivent à chaque pas de temps le nombre, l'âge et l'état des organes, les surfaces foliaires saines ou infectées, la surface et le nombre des colonies, le nombre de spores produites et interceptées. Des sorties 3D donnent également accès à la position et densité des organes sains et infectés. Le modèle a été paramétré à partir de mesures de croissance de ceps au vignoble, et de développement du champignon *in vitro* pour différentes conditions de température et d'âge de feuilles. Le modèle a été validé sur des mesures au vignoble de développement épidémiques pour différentes conditions d'initiation d'épidémies.

Les premières simulations réalisées ont confirmé le rôle sur l'extension et la gravité des épidémies de 1) l'importance de la date de contamination et du stade phénologique avec toutefois des variations en fonction des scénarii climatiques jouant sur le développement de la plante, 2) l'importance de la vigueur (nombre et vitesse de développement des rameaux secondaires).

Perspectives/verrous :

1) Conduire des analyses de sensibilité. Faut-il cibler quelques paramètres qui nous semblent pertinents dans le déroulement des épidémies ? Quelles sont les méthodes les plus pertinentes et efficaces pour gérer les analyses de sensibilité sur un grand nombre de paramètres (environ 40 pour notre modèle) ? Les conditions initiales (dates de contamination, stade phénologique) jouent un rôle majeur sur la sensibilité de certains paramètres, comment le gérer pour les analyses de sensibilité ?

2) Traduire les résultats de simulations de développement épidémiques correspondant à différents scénarii climatiques et de développement de l'hôte en paramètres épidémiologiques pour étudier des comportements épidémiques à l'aide de modèles mathématiques plus simples.

Interactions dynamiques entre architecture du pommier et développement des épidémies de Venturia inaequalis.

Caractérisation et modélisation de la durée d'humectation des organes.

P.E. Lauri (GAP, Monptellier, UMR DAP), L. Parisi (SPE, Gotheron,UE UERI),
M. Saudreau (EA, Clermont-Ferrand, UMR PIAF), H. Sinoquet (EA, Clermont-Ferrand, UMR PIAF)

Mots-clés : Arbre virtuel 3D, Mode de conduite, Microclimat, Bilan énergie, Humectation, Feuilles, Tavelure

Principales collaborations :
Ce travail n'est qu'un projet donc les collaborations envisagées sont :
F. Normand, CIRAD - Ile de la Réunion – Département PERSYST, UPR77-PFI
L. Huber UMR INRA / INA PG, Environnement et Grandes Cultures, département EA

Publications récentes :

Didelot F., Brun L. and L. Parisi, 2007. Effects of cultivar mixtures on scab control in apple orchards. *Plant Pathology* **56**:1014-1022

Saudreau M., Sinoquet H., Santin O., Marquier A., Adam B., Longuenesse J.J., Guilioni L. and M. Chelle, **2007**. A 3-d model for simulating the spatial and temporal distribution of temperature within ellipsoidal fruit. *Agricultural and Forest Meteorology* **147**: 1–15.

Simon S., Lauri P.E., Brun L. and B. Sauphanor, 2006. Does manipulation of fruit trees architecture affect the development of pests and pathogens? A case study in organic apple orchards. *Journal of Horticultural Science & Biotechnology* **81**: 765-773

Willaume M., Lauri P.E. and H. Sinoquet, 2004. Light interception in apple trees influenced by canopy architecture manipulation. *Trees – Structure and Function* **18**: 705-713

Pincebourde S., Sinoquet H., Combes D. and J. Casas, 2007. Regional Climatic Conditions Modulate the Within-Tree Mosaic of Favorable and Risky Microclimates For Insects. *Journal of Animal Ecology* **76**: 424-438.

Résumé du travail en cours

Peut-on prendre en compte la conduite de l'arbre comme un élément déterminant dans l'élaboration de stratégies de protection durables en verger de pommiers ? En particulier, la conduite du pommier peut-elle modifier de manière significative le déroulement des épidémies de *Venturia inaequalis*, agent de la tavelure ? Si oui, par quels mécanismes ?
Les caractéristiques de la plante et du couvert végétal (niveaux de résistance et architecture) influencent fortement le développement épidémique des maladies aériennes et ce de manière couplée et dynamique. En effet, le développement dynamique de la plante agit directement en

modifiant la dispersion de l'agent pathogène (anémophile ou par splashing) par accroissement de la distance entre les organes ou par modification de la réussite de l'infection avec la mise en place de résistance de type ontogénique. Par ailleurs, la fermeture du couvert végétal a des effets indirects sur le développement de l'agent pathogène à travers des modifications du microclimat (température, humidité ou turbulences) qui détermine les durées d'humectation. Enfin, une modification de la physiologie de la plante liée à un mode de conduite particulier peut accroître également la sensibilité des organes aux agents pathogènes.
Les effets du développement de la plante sur les épidémies sont complexes pour plusieurs raisons :

1. Ils sont basés sur des mécanismes physique (rayonnement, bilan thermique, durée d'humectation) et biologiques (germination, infection, croissance, sporulation et dispersion de l'agent pathogène)
2. Ils agissent à plusieurs échelles de l'hôte: organe (variation de sensibilité), plante (accroissement de la distance entre organes sensibles, dynamique des organes sensibles, micro-climat) et parcelle (structuration du peuplement végétal)
3. Ils présentent des échelles de temps différents : heure (microclimat), jour (pathogène), semaine (plante).

Nous proposons dans le cadre de ce projet de modéliser la dynamique des durées d'humectation au sein d'une couronne d'un arbre en croissance. Il s'agit d'intégrer dans une même approche, les échelles spatiales allant de l'organe à la plante entière, ainsi que les échelles temporelles allant de l'heure à la semaine. Pour cela notre approche sera basée à la fois sur une spatialisation de la durée d'humectation à partir de maquettes d'arbre 3D, sur une modélisation physique des transferts d'énergie à l'échelle des organes et sur un couplage avec le développement de *V.inaequalis*.
Ce travail s'appuiera sur les compétences complémentaires des différentes équipes sur le sujet : physique du microclimat, pathologie, mode de conduite ; sur des outils de modélisation déjà disponibles mais à développer pour intégrer la composante « eau » et la croissance de la plante, et sur un verger expérimental disponible (dispositif bloc) comportant des arbres avec modes de conduite contrastés (conduite centrifuge, Solaxe, Fusetto).

Développement d'un modèle de « blé virtuel »

Bruno Andrieu (EA Grignon, UMR EGC), Christian Fournier (EA, Montpellier)

Mots-clés : blé, architecture, limbe, gaine, entrenœud, tallage, phytomère, carbone, azote, L-système, modélisation, écophysiologie, interactions génotype-environnement, stress biotiques

Principales collaborations :

EA - UMR EGC: Michael Chelle, Jessica Bertheloot (Doctorante), Rim Baccar (Doctorante)
EA - GDEC: Pierre Martre
Université de Wageningen: Jan Vos, Jochem Evers
University College London: Jonathan Hillier, Jillian Watt, Philippe Lewis
INRIA – ALEA: C. Godin, Christophe Pradal

Publications récentes

1. Fournier C, Andrieu B, Ljutovac S, Saint-Jean S. 2003. ADEL-wheat: *A 3D architectural model of wheat development*. In Plant Growth Modeling and Applications, Proceedings of 2003 International Symposium, ed. B-G Hu, M Jaeger, pp. 54-63. Beijing, CHN Tsinghua University Press - Springer Verlag
2. Fournier C, Durand JL, Ljutovac S, Schaufele R, Gastal F, Andrieu B. 2005. A functional-structural model of elongation of the grass leaf and its relationships with the phyllochron. *New Phytologist* 166: 881-94
3. Evers JB, Vos J, Fournier C, Andrieu B, Chelle M, Struik PC. 2005. Towards a generic architectural model of tillering in Gramineae, as exemplified by spring wheat (Triticum aestivum). *New Phytologist* 166: 801-12
4. Evers JB, Vos J, Chelle M, Andrieu B, Fournier C, Struik PC. 2007. Simulating the effects of localized red / far-red ratio on tillering in spring wheat (Triticum aestivum L.) using a 3D virtual plant model. *New Phytologist* 176: 325-36
5. Bertheloot J, Andrieu B, Fournier C, Martre P. 2007. *A model of nitrogen distribution and senescence in virtual wheat*. In Proceeding of the 5th International Workshop on Functional Structural Plant Models (FSPM07), ed P. Prusinkiewicz et al, pp 18.1-18.4. Napier, NZ. Article soumis à *Functional Plant Biology*.

Résumé du travail en cours:

L'objectif général est le développement d'un modèle de fonctionnement du blé qui soit la composante « plante » dans le cadre d'une modélisation couplée plante-pathogène-climat au sein d'EGC. Par ailleurs l'intérêt pour ce travail dépasse le cadre EGC.

Deux volets essentiels sont abordés concernant la modélisation de la plante

- La plasticité de l'architecture aérienne, plus particulièrement en réponse à la variabilité climatique interannuelle, et aux pratiques culturales (densité et date de semi). Ceci inclut l'analyse comparative de génotypes. L'architecture aérienne détermine en effet les processus de propagation et de captation de l'inoculum, le matériel végétal pour le développement des pathogènes, l'exposition de ceux-ci au climat. Les facteurs étudiés interviennent principalement en modulant la température et le rayonnement perçu par les plantes au cours du temps. En terme de questions de recherche, cela consiste à
  - identifier et formaliser les formes invariantes de l'architecture (rythmes et dimensions)
  - pour un certain nombre d'aspects: rechercher les processus à l'origine de ces patterns, et analyser leur réponse au phylloclimat (température, quantité et qualité de rayonnement) et aux ressources.
- La distribution du carbone et de l'azote au sein de la plante, et particulièrement entre étages foliaires. Cet axe est important pour connaître la qualité nutritive du substrat dans lequel se

développent les pathogènes, et réciproquement la façon dont ceux-ci vont affecter les capacités de photosynthèse de la plante et les ressources azotées.

Aspects méthodologiques. Ce travail s'appuie sur
- la synthèse des acquis et hypothèses à partir de la bibliographie
- L'acquisition d'importantes bases de données, issues de suivis de croissance et développement, état physiologique, sénescence des composantes de l'architecture. Principalement au champ. Conjointement avec mesures microclimatiques
- Un travail d'analyse de données, paramétrisation/ estimation de paramètres
- L'implémentation de modèles, utilisant notamment les L-systèmes

Enjeux / verrous. Les hypothèses et approximations qui ont fait la preuve de leur efficacité dans les modèles de culture (i.e. à l'échelle du m² de « couvert végétal ») renseignent peu l'échelle de la plante, et souvent y sont mises en défaut. Un enjeu/verrou essentiel est donc de définir les choix qui seront efficaces à cette échelle. Cette échelle pose aussi des difficultés liées à l'acquisition et l'analyse de larges bases de données. Enfin la complexité des modèles met en défaut les méthodes (*e.g.* estimation de paramètres, étude de sensibilité) classiquement utilisées.

Résultats Phares
- La mise au point du modèle Adel-blé, qui simule le développement de l'architecture, en intégrant des relations de coordinations et d'allométrie (1, 2, 3).
- L'acquisition et l'analyse de bases de données pluriannuelles et multigénotypes. Ces données renseignent les aspects dimensions, contenu C et N, géométrie des organes, au cours du cycle, et de façon détaillée dans l'architecture.
- L'utilisation du modèle pour implémenter des hypothèses mécanistes sur la régulation du tallage par la qualité de la lumière (4).
- La mise au point d'un premier prototype couplant modèle de plante et de maladie (cf. fiche dédiée)
- Le développement d'un modèle mécaniste pour la distribution de l'azote en période post floraison (5), qui permettra d'aborder la nuisibilité dans ce type d'approche

Perspectives
- Une thèse cofinancée avec Arvalis a commencé (octobre 2007) pour modéliser la régression des talles et les régulations climatiques de la dimension des feuilles.
- Un projet financé par Arvalis (2008-2010) doit permettre de rationaliser les méthodes d'acquisition de données et d'estimation des paramètres de l'architecture.
- Les aspects géométriques ont été peu approfondis jusqu'à présent. Ils le seront sous l'angle de la paramétrisation des formes de feuilles et de la validation par rapport à l'interception du rayonnement et de la pluie (postdoc Tino Dornbusch, à partir d'avril 2008)
- Les travaux concernant la modélisation des distributions d'azote ont vocation à être étendus à la période préfloraison et à être complétés par un module d'absorption racinaire (thèse ou post doc à monter). Le couplage avec les pathogènes pourra ainsi être étendu à des aspects physiologiques
- Le portage sous ALEA de la version actuelle du modèle est en cours. Sa mise à disposition pour différentes applications est prévue, en particulier vers les aspects proxi-détection (F. Baret)

Couplage d'un modèle 3D de plante et d'un modèle épidémiologique pour l'analyse des interactions hôte x agents pathogènes.

Le cas du pathosystème blé x septoria tritici.

UMR INRA AgroparisTech $EGC_{plante,}$ UMR INRA AgroparisTech BIOGER

Mots-clés :
Interactions plantes x agents pathogènes, modèle 3 D de plantes, modèle épidémique

Publications récentes (5 maxi) :

(1) Evers JB, Vos J, Fournier C, Andrieu B, Chelle M, Struik PC. 2005. Towards a generic architectural model of tillering in Gramineae, as exemplified by spring wheat. New Phytologist 166: 801–812

(2) Le May C., Schoeny A., Tivoli B ., Ney B.**,** 2005. Improvement and validation of a pea crop growth model to simulate the growth of cultivars infected with ascochyta. *European Journal of Plant Pathology, 112, 1-12*

(3) Robert C, Bancal MO, Lannou C. 2002. Wheat leaf rust uredospore production and carbon and nitrogen export in relation to lesion size and density. Phytopathology 92, 762–768

(4) Robert, C., M.O. Bancal, C. Lannou and B. Ney. 2006. Quantification of the effects of Septoria tritici Blotch on wheat leaf gas exchange with respect to lesion age, leaf number, and leaf nitrogen status. Journal of Experimental Botany 2006 57(1):225-234

(4) Bancal M.O., Robert C., Ney B. 2007. Wheat crop growth and yield losses are completely accounted for by the accelerated green leaf layer losses due to leaf blotch and rust in late epidemics, *Annals of Botany* : 1-13

Résumé du travail en cours (50 lignes maxi en Arial 11) :
Préciser la question de recherche, les aspects méthodologiques (modèles, méthodes), les ressources données-outils, les enjeux-verrous, les résultats 'phares', les perspectives)

Les pertes de récolte dues aux épidémies sont le résultat d'interactions multiples entre les plantes hôtes et leurs agents pathogènes. En effet, la plante étant le "support" et le "substrat" de ces derniers, le développement de la maladie dépend de l'état physiologique et de la morphologie de la plante hôte. Réciproquement, le fonctionnement de la plante est affecté par l'agent pathogène. Cette perturbation va déterminer les pertes de récolte. Pour les champignons des plantes de grande culture, l'hypothèse à la base de notre projet est que la structure des plantes est un facteur-clé de ces interactions et qu'elle peut être source de tolérance (les dommages sont plus faibles pour une même épidémie) et d'échappement (l'expression de la maladie est plus faible dans un même environnement), limitant ainsi la lutte chimique, ou le contournement des résistances. L'identification des traits associés à la structure peut être un enjeu de sélection ou d'innovation dans les systèmes de culture pour lutter contre la maladie. Nous entendrons par structure à la fois ce qui a trait à l'organisation géométrique du couvert (support) et l'état de la plante et de ses organes (substrat et morphologie).

Notre objectif est d'identifier et hiérarchiser les traits de structure des couverts source de tolérance et d'échappement vis-à-vis de la maladie qui offrent des possibilités durables de réduction de la nuisibilité. Ces traits de structure sont des cibles pour la création variétale et la gestion des milieux dans les systèmes de culture. Nous participons en cela à la protection intégrée des plantes.

Pour répondre à cet objectif, nous construisons un modèle couplé des interactions "hôte x pathogènes". Le **modèle conceptuel** procède d'étapes intermédiaires qui nous permettent de comprendre, d'associer et de décorreler les processus. Trois parties, complémentaires, sont abordées pour la construction du modèle :

- *l'effet de la maladie sur la plante*. La maladie, variable d'entrée, est spatialisée dans le couvert et la sortie de ce module sont les dommages. La baisse du rendement ainsi que sa qualité, à travers les modifications de flux d'azote et de carbone dans la plante sont modélisés
- *l'effet de l'environnement de l'agent pathogène*, généré par l'état des feuilles, lieu de rencontre entre le pathogène et son hôte, et par l'architecture du couvert sur l'épidémie. On étudie l'effet de l'état des feuilles sur le développement du cycle infectieux des pathogènes (contamination, latence, production de spores et l'effet de la dynamique d'installation du couvert sur la dynamique épidémique
- et *enfin les relations entre structure du couvert et environnement physique du pathogène* (phylloclimat). La *mise en place de la structure du couvert* (sénescence naturelle indispensable à la quantification de la sénescence induite par le champignon) est abordée dans ce cadre

Un modèle informatique est en construction ensuite pour agréger ces connaissances. Il utilise le formalisme des L-systèmes pour la construction dynamique de la plante dans son environnement et un modèle épidémiologique tenant compte de la physiologie due l'agent pathogène mais aussi de sa dispersion dans la géométrie du couvert.

Des **analyses de sensibilité** permettront de mettre en évidence et de hiérarchiser les traits de structure source de tolérance et d'échappement de maladie liés à la structure des couverts végétaux. Une démarche similaire doit être entreprise sur le colza à partir du modèle architecturé en cours d'élaboration pour les attaques d'insectes d'une part (mélighètes, avec l'UMR d'Agronomie) et les champignons aériens d'autre part. Ces exemples devraient pouvoir à terme de généraliser la démarche et d'envisager le fonctionnement d'un *pathosystème virtuel*.

Modélisation de la distribution de la pluie par les plantes pour les risques environnementaux et pathologiques

F. Bussière (EA Antilles APC)

Mots-clés :architecture 3D, interception de la pluie, mouillage, ruissellement, éclaboussures, durée d'humectation, lessivage

Principales collaborations :
INRA URPV Guadeloupe, UMR EGC Grignon, UMR DAP Montpellier

Publications récentes (5 maxi) :

Bassette C., and Bussière F. (2004). Rainfall distribution modelling on a 3-D plant architecture: Application to banana tree; *In:* C Godin et al. (Editors), 4th International Workshop on Functional-Structural Plant Models, UMR AMAP/2004, Montpellier, France, pp159-163.

Bassette C. and Bussière F. (2005). 3-D modelling of the banana architecture for the simulation of rainfall interception parameters; *Agricultural and Forest Meteorology*, 129: 95-100.

Bassette C., and Bussière F. (2007). Partitioning of splash and storage during raindrop impacts on banana leaves; *Agricultural and Forest Meteorology*, accepté, pp34

Dufour-Kowalski S., Bassette C. and Bussière F. (2007). A software for the simulation of rainfall distribution on 3D plant architecture: PyDROP. *In:* Proceedings of the 5th International Workshop on Functional-Structural Plant Models, 4-9 Nov 2007; P. Prusinkiewicz, J. Hanan, and B. Lane (Eds). Napier, New Zealand, 29– 1-5

Résumé du travail en cours

Comment l'architecture de la plante modifie-t-elle les flux d'eau et les processus associés : circulation de l'eau à l'interface sol-atmosphère, lessivage sur les plantes, mobilisation de propagules, modification du bilan d'énergie et du microclimat ?
Les méthodes employées sont les méthodes de mesure de l'architecture 3D (Digitalisation électromagnétique ou sonique), les méthodes de génération et mesure des flux d'eau (simulation de pluie, distribution de l'eau dans le couvert, disdrométrie), les méthodes de mesure du microclimat (bilan d'énergie de feuilles).
Les modèles sont développés spécifiquement utilisant une architecture explicite adaptée à la simulation de la circulation de l'eau sur la plante et la simulation numérique de la distribution de la pluie.
Les données employées ont été acquises (spécificité des espèces et de leur architecture) : bananier et igname en cours. La possibilité d'utiliser des données existante dépend principalement de leur pertinence pour simuler interception, stockage et transfert d'eau. Fort intérêt pour utiliser dans le futur des ressources collaboratives comme celles du projet OPENALEA.
Des enjeux importants existent pour une meilleure compréhension des pathologies liée à l'eau sur la plante. Les propriétés de surface des organes sont mal connues et nécessitent des investigations spécifiques.
Ces travaux ont permis la modélisation de la distribution de la pluie en bananeraie, indispensable pour comprendre les dynamiques de lessivage de molécules de traitement phytosanitaires. Ces travaux sont synthétisés dans un logiciel permettant de simuler

l'interception d'une pluie quelconque sur des placettes de bananeraie créées au besoin par l'utilisateur (PyDROP).
Les perspectives vont vers l'adaptation et l'utilisation du modèle pour simuler des phénomènes important pour le développement des maladies fongiques : dispersion et lessivage des spores et cinétiques d'humectation du couvert (pathosystème Igname/Anthracnose).

Vers un rosier virtuel en 3D pour intégrer les interactions plante – environnement – génotype dans la mise en place de l'architecture

V. Guérin[1], **R. Boumaza[1]**, B. Andrieu[2], S. Demotes-Mainard[1], P. Favre[1], C. Fournier[3], G. Galopin[1], J. Gentilhomme[1], G. Guéritaine[1], L. Huché-Thélier[1], N. Leduc[1], P. Morel[1], S. Sakr[1], S. Travier[1], J.D. Viémont[1]
[1] EA, Angers, UMR SAGAH [2] EA, Grignon, UMR EGC [3] EA, Montpellier, UMR Lepse

Mots-clés : Architecture, Rosier, Dynamique, Temps thermique, L-Systems, Représentation 3D

Principales collaborations :
UMR EGC, Grignon, B. Andrieu et C. Fournier
UMR PIAF, Clermont Ferrand : H. Sinoquet, N. Donès
Université de Recherche de Wageningen, équipe de J. Vos, G. Buck-Sorlin
UMR DAP, Montpellier : Y. Guédon, C. Godin, C. Pradal
UMR AMAP, Montpellier : Y. Caraglio
UPRES LISA, Angers, E. Richard, P. Richard et L. Hamon

Communications récentes (5 maxi) :
- Posters
  - Favre P, Guéritaine G, Andrieu A, Boumaza R, Demotes S, Fournier C, Galopin G, Huché-Thélier L., Morel P, Guérin V, 2007. Modelling the architectural growth and development of rosebush using L-Systems. Workshop on Growth Phenotyping and Imaging in Plants, Montpellier
  - Guéritaine G, Favre P, Andrieu A, Boumaza R, Demotes S, Fournier C, Galopin G, Huché-Thélier L, Morel P, Guérin V, 2007. Growth kinetics and architectural development of the rose bush according to thermal time. Workshop on Growth Phenotyping and Imaging in Plants, Montpellier
- Publications soumises
  - Girault T., Leduc N. On the impact of light on component mechanisms of bud break in Rosa. Plant Cell and Env.
  - Morel P., Galopin G., Dones N. Peut-on comparer deux génotypes de rosier buisson par l'analyse architecturale ?

Résumé du travail en cours

L'équipe a pour objectif d'étudier l'influence de l'environnement sur l'architecture aérienne et la qualité esthétique des arbustes ornementaux, avec pour plante d'étude le rosier buisson. L'étude se situe de l'échelle de la plante à celle du gène, selon une approche de biologie intégrative :
- à l'échelle de la plante on recherche des lois d'action reliant l'environnement et le développement de la plante.
- des études physiologiques et moléculaires permettront de tester des hypothèses fonctionnelles à l'aide d'approche avec et sans a priori.

Les résultats de cette étude seront intégrés dans un modèle structure-fonction de l'élaboration de l'architecture de la plante pour obtenir une représentation virtuelle en intégrant les effets de l'environnement et de la diversité génétique. Cette représentation sera mise en relation avec les descripteurs sensoriels et architecturaux pour, à terme, simuler des itinéraires culturaux permettant d'élaborer des plantes de formes innovantes.

L'objectif actuel de modélisation est d'obtenir une représentation réaliste de la croissance en temps thermique du stade bouture à celui de la plante avec 3 ordres de ramification. L'étape en cours est de décrire la mise en place des organes (organogenèse et cinétiques) tout en étant attentif à faire émerger les relations de coordination de développement et les relations d'allométrie entre organes.

Résultats : Les résultats sont issus de deux expérimentations de suivi de croissance en serres sur deux rosiers ('Knock Out' et *wichurana*). Cent trente plantes 'Knock Out' ont servi à la description globale et trente plantes du même cultivar ont permis d'obtenir des données de développement organe par organe.
Les modules botaniques considérés sont l'apex (végétatif / floral), la fleur (/ fruit), le bourgeon, l'entre-nœud, la feuille (/ stipule) et le pédoncule. Pour les trois derniers modules, on a caractérisé les vitesses d'élongation en temps thermique, soit à partir de mesures sur l'organe entier (entre-nœud, pédoncule), soit à partir de mesures partielles d'organe en appliquant des relations allométriques (foliole / feuille). Ces vitesses dépendent du rang du phytomère sur l'axe : par exemple, la vitesse de l'entre-nœud augmente avec le rang, puis chute pour l'entre-nœud situé sous le pédoncule.
Les cinétiques d'organogenèse (phyllochrone…) ou de croissance ont été estimées à partir des mêmes observations et certaines coordinations (structure foliaire) ont été mises en évidence ou confirmées.
En complément de cette activité d'observation et de modélisation, un premier prototype de rosier virtuel, basé sur les L-systèmes (dans L-Studio), a été implémenté. Bien que ce prototype n'ait pas encore intégré tous les paramètres estimés ci-dessus, le résultat visuel est tout à fait satisfaisant. Une brève démonstration sera présentée lors de l'exposé oral.

Perspectives : Ce premier travail a été réalisé dans le cadre de deux post doctorats et un stage de Master 2 recherche (Bio. Vég. Intégrative, Angers). Le développement de cette activité de modélisation jouera son rôle fédérateur et structurant avec l'arrivée de forces pérennes (CR en 2009).
Le travail en cours consiste à achever l'analyse des données issues des expérimentations et valoriser les résultats obtenus. Le modèle implémenté a mis l'accent sur la structure morphologique du rosier. Il reste à en faire l'analyse critique en le comparant au modèle sur rosier fleurs coupées en cours de développement à l'université de Wageningen.
A moyen terme la focalisation sur un point du fonctionnement de la plante, croissance des entre-nœuds par exemple, en relation avec l'environnement (lumière) permettra d'établir des règles de fonctionnement à intégrer dans le modèle (post doctorant 2008).
Les premières lois de réponse à la lumière, du développement de la plante font partie d'un projet de thèse débutant en 2008. Cette thèse permettra d'étudier d'autres génotypes pour mettre en relation les réponses à l'environnement et la présence de différents QTL (UMR GenHort).
Sur le long terme ce modèle de rosier virtuel doit être un outil améliorant la compréhension du fonctionnement de la plante dans son environnement pour arriver à simuler l'élaboration de plantes de formes innovantes.

Modélisation structure / fonction pour l'analyse de la plasticité phénotypique des céréales, son contrôle par le métabolisme carboné et les relations source - puits

D. Luquet (CIRAD, BIOS, Montpellier, UR « modélisation intégrative »),
M. Dingkuhn (CIRAD, BIOS, Montpellier, UR « modélisation intégrative »),
Anne Clément-Vidal (CIRAD, BIOS, Montpellier, UR « modélisation intégrative »)

Mots-clés :
Modélisation structure/fonction, plasticité phénotypique, relations source/puits, métabolisme carboné, relation génotype - phénotype

Principales collaborations:
Univ. Du Queensland
UMR DAP

Publications récentes :

Dingkuhn M, Luquet D, Clément-Vidal A, Tambour L, Kim HK, Song YH (2006) Is plant growth driven by sink regulation? Implications for crop models, phenotyping approaches and ideotypes. In Press. In 'Gene-Plant-Crop relations Congress'. Wageningen. (Ed. WUR)

Dingkuhn M, Luquet D, Kim HK, Tambour L, Clément-Vidal A (2006) Ecomeristem, a Model of Morphogenesis and Competition among Sinks in Rice: 2. Simulating Genotype Responses to Phosphorus Deficiency. *Functional Plant Biology* **33**, 325-337.

Dingkuhn M, Luquet D, Quilot B, Reffye PD (2005) Environmental and genetic control of morphogenesis in crops: Towards models simulating phenotypic plasticity. *Australian Journal of Agricultural Research* **56**, 1-14.

Luquet D, Dingkuhn M, Kim HK, Tambour L, Clément-Vidal A (2006) EcoMeristem, a Model of Morphogenesis and Competition among Sinks in Rice. 1. Concept, Validation and Sensitivity analysis. *Functional Plant Biology* **33**, 309-323.

Luquet D, Song YH, Elbelt S, This D, Clément-Vidal A, Périn C, Fabre D, Dingkuhn M (2007) Model-Assisted Physiological Analysis of Phyllo, a Rice Architectural Mutant. *Functional Plant Biology* **34**, 11-23.

Résumé du travail en cours

L'unité *« modélisation intégrative, plasticité phénotypique et performance des cultures »* utilise la modélisation (peuplement, plante) comme outil d'appui à l'évaluation et la sélection variétale au travers de :

(i) la caractérisation des environnements cible (Target Population of Environment : TPE) auxquels un programme de sélection doit faire face pour définir des caractères d'intérêt et

(ii) la mise en relation entre le phénotype et le génotype (analyse phénotypique, voire phénotypage), en considérant les paramètres du modèle comme processus plus stable au travers des environnements et plus proche de l'action d'un nombre limité de gènes clés que des observations directes sur la plante (souvent trop intégratives).

Dans ce le contexte des activités *ii*, une des grandes questions de recherche de l'unité concerne le contrôle génétique et environnemental de la plasticité phénotypique (morphogénétique) des céréales (essentiellement riz, sorgho) en réponse à différents stress abiotiques, notamment la sécheresse. Deux facteurs sont considérés comme cruciaux dans le contrôle de cette plasticité: le fonctionnement des méristèmes, site clé de l'organogénèse et de la morphogenèse, et le métabolisme carboné, régulant l'offre autant que la demande en assimilats dans la plante, certains sucres jouant le rôle de signaux contrôlant le fonctionnement des organes puits.

Sur la base des connaissances existantes et d'expérimentations menées récemment au sein de l'unité (visant à 'disséquer' le phénotype en processus de type morphogénétique, biochimique et moléculaire), le modèle *Ecomeristem* a récemment été développé afin de simuler la plasticité phénotypique des céréales, dans un premier temps durant la phase végétative. Ecomeristem est un modèle de type structure / fonction où le phénotype est simulé dynamiquement à l'échelle de l'organe élémentaire (au niveau aérien) sur la base de rétroactions journalières entre (i) des règles morphogénétiques potentielles définissant la demande (croissance) à réaliser par la plante sur la base de paramètres génotypiques (e.g. phyllochrone, taille potentielle des organes…), et (ii) une variable d'état *Ic*, indice de compétition interne à la plante pour les assimilats carbonés, calculé comme le rapport offre/demande en assimilats: si rayonnement est le seul facteur potentiellement limitant, selon des seuils de réponse à l'*Ic* (paramètres génotype-dépendant), la plante ajustera sa morphogenèse et donc ses relations source – puits à l'environnement. Aussi, un Ic déficitaire (<1) à un instant t réduira le tallage ou sous-dimensionnera les organes initiés au niveau du méristème; inversement, un Ic>1 permettra la réalisation potentielle de la demande, voire la mise en réserve d'assimilats (~amidon) remobilisée sous conditions limitantes.

Le modèle a récemment été adapté pour s'adresser au stress hydrique et donc considérer les effets indirects d'un tel stress sur les relations source – puits en carbone. Pour cela, la variable d'état hydrique FTSW est calculée pour simuler son impact sur l'offre (réduction de la transpiration, assimilation et surface foliaires) et la demande en assimilats (réduction de l'expansion foliaire) et discriminer sur cette base la réponse de différents génotypiques.

Aujourd'hui le modèle est développé au sein d'un logiciel (en langage Delphi), offrant une bonne flexibilité d'adaptation et amélioration de l'outil pour le modélisateur. Cependant, la dimension 'structure / fonction' du modèle est encore partielle puisque l'architecture de la plante n'est que topologique et utilisée uniquement dans le calcul de la demande journalière à réaliser par la plante (somme des demandes des organes en croissance); à l'opposé, le calcul de l'offre journalière est basé sur une loi simple d'interception de la lumière intégré à l'échelle de la plante entière ou du peuplement. Aussi, une des perspectives de ce travail est de combiner les concepts de modélisation développés avec une approche 3D, qui permettra d'affiner le calcul des processus adressés et, par ailleurs, d'intégrer les caractères architecturaux à considérer dans la définition d'idéotypes variétaux.

Représentation de la plante dans une optique de couplage de la dynamique de développement de la plante et de la dynamique de l'ascochytose du pois

Y. Monnet (SPE, Rennes, UMR BiO3P), B. Tivoli (SPE, Rennes, UMR BiO3P), M.-H. Jeuffroy (EA Grignon), R. Faivre (BIA Toulouse)

Mots-clés : modèle déterministe, composantes architecturales, dynamique de développement, *Pisum sativum*

Principales collaborations :
Réseau EpiArch, Union Nationale Interprofessionnelle des Plantes riches en Protéines (UNIP)

Publications récentes

Beasse C., Ney B. and Tivoli B. (2000). A simple model of pea (*Pisum sativum*) growth affected by *Mycosphaerella pinodes*. Plant Pathology, 49 : 187-200.

Le May C., Schoeny A., Tivoli B, Ney B., 2004 - Improvement and validation of a pea crop growth model to simulate the growth of cultivars infected with Ascochyta blight (*Mycosphaerella pinodes)*. European Journal of Plant Pathology, 112 : 1-12.

Schoeny A, Menat J., Darsonval A., Rouault F., Jumel S. and Tivoli B. (2008). Effect of pea canopy architecture on splash dispersal of *Mycosphaerella pinodes* conidia. Plant Pathology (accepted for publication)

Le May C., Ney B., Lemarchand E., Schoeny A., Tivoli B. (2008). Does pea plant architecture modify the spatio-temporal epidemic development of ascochyta blight (*Mycosphaerella pinodes*) in the field? Plant Pathology (submitted).

Résumé du travail en cours

L'ascochytose du pois, engendrée par le champignon *Mycospharella pinodes,* est une maladie polycyclique. Ce parasite produit majoritairement deux types de spores (les pycniospores issues de la reproduction asexuée et les ascospores issues de la reproduction sexuée) présents de façon synchrone tout au long de l'épidémie. Ces spores possèdent des modes de disséminations spécifiques, qui sont le vent (ascospores) et le « splashing » (pycniospores).
Cette maladie engendre des nécroses sur l'ensemble de l'appareil aérien (organes foliaires, tiges, gousses) qui vont se multiplier et s'accroître jusqu'à la récolte. Son initiation s'effectue généralement à la base des plantes de façon relativement homogène sur l'ensemble de la parcelle et sa progression verticale dépend des vitesses de propagation du champignon et d'accroissement de la plante.

Les travaux menés par C. Le May durant sa thèse et A. Schoeny (2008), sur l'Ascochytose du pois, ont mis en évidence un lien fort entre l'architecture du couvert végétal et le développement de l'épidémie.

Notre travail vise à comprendre le rôle de l'architecture du couvert végétal sur le développement d'une épidémie au sein de celui-ci et doit permettre de définir les caractéristiques d'un couvert végétal défavorable au développement de l'ascochytose via des modes de conduites (densités, associations végétales, . . .) et/ou un idéotype variétal (ramifications, surfaces foliaires, taille, . .

.). Afin de répondre à cet objectif, nous développons un modèle déterministe couplant la dynamique de développement de la plante à celle de la maladie en explicitant les caractéristiques architecturales nous paraissant avoir un rôle majeur sur l'épidémie.
Nous nous sommes, dans un premier temps, centré sur l'élaboration du modèle plante. Ce modèle permet de simuler le développement d'une plante moyenne, représentative du peuplement, en fonction de la température et des caractéristiques variétales. Celui-ci se divise en deux modules : un module « phénologie » qui gère l'initiation et la durée de développement des organes végétatifs et reproducteurs, et un module « croissance » qui gère la cinétique de croissance et la taille maximale atteinte par ces organes.
Dans notre modèle, la taille maximale d'un organe donné (en fin de croissance) dépend de sa taille maximale potentielle (fonction de sa position sur la tige) et de la compétition trophique entre organes végétatifs et reproducteurs qui débute lors de la floraison. Le taux de croissance est une fonction logistique de l'avancement du développement, ce qui permet de simuler une croissance sigmoïdale, plus réaliste qu'une croissance linéaire.

Le modèle permet d'observer, à un pas de temps journalier, le nombre de phytomères (entre nœud + stipule + vrille), de fleurs et de gousses de la tige principale ainsi que leurs degrés de développement. Il permet aussi de suivre l'évolution de la taille des entres nœuds et des surfaces foliaires. La modélisation du développement des ramifications se calquera sur la tige principale étant donné qu'il n'a pas été observé de différences majeures d'un point de vu morphologique et phénologique.
Une interface graphique permet de suivre visuellement l'évolution des sorties du modèles dans leur ensemble.
Les premières simulations ont permis de vérifier la capacité du modèle à simuler des plantes d'architectures très variables.

Dans un second temps nous souhaitons coupler à ce premier modèle, le développement de la maladie. L'observation des données concernant la propagation de la maladie nous a amené à conclure que le « splashing » des pycniospores n'est vraisemblablement pas l'élément moteur de la progression verticale du champignon. Par contre, tout laisse à penser que les ascospores sont déterminantes dans la dispersion de la maladie et qu'elles sont non limitantes dans le couvert. Nous pensons donc que la maladie est principalement gouvernée par le microclimat au sein du couvert végétal (plus particulièrement l'humidité et la durée d'humectation) et l'âge physiologique des feuilles (la sénescence accroît la sensibilité) qui gouverneraient la réussite des infections par les ascospores. Les pycniospores interviendraient de façon locale en accélérant la maladie. Nous allons donc être amené à simuler le microclimat au sein d'un couvert et nous verrons ensuite comment les caractéristiques architecturales simulées par le modèle plante modifieront ou non ce paramètre.

OpenAlea: une plateforme logicielle libre et modulaire pour la modélisation des plantes.

C. Pradal (CIRAD, Equipe Virtual Plants, UMR DAP), S. Dufour-Kowalski (INRIA, Equipe Virtual Plants, UMR DAP), F. Boudon (CIRAD, Equipe Virtual Plants, UMR DAP),
C. Fournier (EA, Montpellier, UMR Lepse), C. Godin (INRIA, Equipe VirtualPlants, UMR DAP)

Mots-clés :
plantes virtuelles, plateforme de modélisation, programmation visuelle, logiciel libre, architecture logicielle à composants, modélisation multi-échelles

Principales collaborations :
UMR Lepse Montpellier, UMR RDP Lyon, UMR PIAF Clermont-Ferrand, UMR EGC Paris-Grignon, UMR AMAP Montpellier.
Labri Bordeaux, UJF Grenoble, IRIT Toulouse, Equipe INRIA Evasion Grenoble.

Publications récentes :

- C. Pradal, S. Dufour-Kowalski, F. Boudon, C. Fournier, C. Godin (2008) *OpenAlea: A visual programming and component- based software for plant modeling*, soumis à Functional Plant Biology
- C. Pradal, F. Boudon, C. Nouguier, J. Chopard, C. Godin (2007) PlantGL : a Python-based geometric library for 3D plant modelling at different scales. Graphical Models (en revision)
- C. Pradal, S. Dufour-Kowalski, F. Boudon, N. Dones (2007) *The architecture of OpenAlea: A visual programming and component based software for plant modeling*, FSPM 07
- S. Dufour-Kowalski, C. Pradal, N. Dones, P. Barbier de Reuille, F. Boudon, J. Chopard, D. DaSilva, J.-B. Durand, P. Ferraro, C. Fournier, Y. Guédon, A. Ouangraoua, C. Smith8, S. Stoma, F. Théveny, H. Sinoquet and C. Godin (2007) *OpenAlea - An open-source platform for the integration of heterogeneous fspm components.* FSPM 07.
- C. Pradal, S. Dufour-Kowalski (2007) *Openalea - Visual programming and component based software for plant modeling.* EuroPython Conference

Résumé du travail en cours

OpenAlea est une plateforme logicielle libre pour la modélisation des plantes à différentes échelles. Cette plateforme fournit un environnement de modélisation intuitif et un ensemble d'outils facilitant la diffusion et la réutilisation de modèles et de logiciels existants. OpenAlea permet aux chercheurs de construire des modèles à l'aide d'une interface graphique de programmation visuelle, d'un langage de modélisation haut-niveau et d'un ensemble d'outils dédiés à la modélisation des plantes.
L'architecture à composants d'OpenAlea s'appuie sur le langage Python, un langage généraliste, orienté-objet, largement utilisé dans d'autres domaines scientifiques. Les modèles, algorithmes et structures de données intégrés dans la plateforme sont disponibles sous la forme de composants OpenAlea. L'interface de programmation visuelle permet simplement d'assembler des composants hétérogènes et facilite le prototypage rapide de scénario de modélisation évolués.

Questions de recherche :

- Couplage de modèles hétérogènes (plusieurs langages de programmation).
- Réutilisation de modèles et d'outils entre différentes équipes pluridisciplinaires.
- Environnement de modélisation simple d'utilisation et facilement extensible.
- Développement collaboratif et diffusion logicielle dans un environnement scientifique.

Aspects méthodologiques (modèles, méthodes) :

- Environnement de programmation visuelle intuitif pour la modélisation des plantes.
- Architecture logicielle à base de composants réutilisables.
- Langage de modélisation haut-niveau permettant l'accès à de nombreuses bibliothèques scientifiques issues du logiciel libre et facilitant l'intégration de logiciels développés dans différents langages.

Ressources (outils, logiciels) :
Language de programmation / modélisation : Python, C++, C et Fortran
Bibliothèques : Qt4, Boost, OpenGL,.
Outils de développement : GForge, SVN, Scons, nosetests, pylint, epydoc et doxygen

Enjeux et verrous :

- Partage de composants logiciels (modèles, algorithmes, structures de données, outils, interface graphique) entre équipes de recherche pluridisciplinaires.
- Partage de base de données pour la comparaison et validation des modèles.
- Définition d'un méthodologie partagée et développement d'outils pour améliorer la qualité logicielle et faciliter le développement et la diffusion.

Résultats 'phares' :
Développement et diffusion de l'environnement de programmation visuelle et d'un ensemble de composants dans différents domaines (e.g. analyse de l'architecture des plantes, modélisation géométrique des plantes, processus éco-physiologiques, modélisation du méristème, …).
Mise en place de la méthode de développement collaboratif autour des « coding » et « modeling » sprints de trois jours. Une session de travail avec des modélisateurs et des utilisateurs a été organisée à l'UMR EGC (Grignon) sur les modèles de lumières.
Passage à la plateforme InriaGForge (http://gforge.inria.fr), fournissant une infrastructure favorisant les bonnes pratiques de travail collaboratif. Développement d'outils d'aide à la diffusion logicielle (compilation et distribution Linux, Windows et bientôt MacOSX).

Perspectives :
Développer des collaborations pour pouvoir se connecter avec les plateformes principales dédiées à la simulation des modèles de plante structures-fonctions (LStudio de l'équipe de P. Prusinkiewicz au Canada, GroImp de l'équipe de W. Kuhrt en Allemagne et AMAPsim de l'équipe de D. Barthelemy à Montpellier).
Définir des standards de données et des bases de données qui peuvent être partagées par la communauté de modélisation des plantes française et internationale.

Accessibilité des données et outils, intégration, problématique des plateformes

Francois de Coligny (EFPA, Montpellier, UMR 931 botAnique et bioinforMatique de l'Architecture des Plantes (AMAP) CIRAD-CNRS-INRA-IRD-UM2)

Mots-clés :
plateforme, logiciel, modélisation, mutualisation, généricité, réutilisation, intégration

Principales collaborations :

INRA (EFPA, EA, SAD), CIRAD, CEMAGREF, ENGREF, IRD, ONF, IFN, IEFC, FCBA, CAF Chine, ENSIS Nouvelle-Zélande, MRNF Québec, CSIC Espagne

Publications récentes:

de Coligny F., 2008. Efficient Building of Forestry Modelling Software with the Capsis Methodology. In: Fourcaud T, Zhang XP, eds. PMA06 - Plant Growth Modelling and Applications. Los Alamitos, California: IEEE Computer Society, in press.

Goreaud F., Alvarez I., Courbaud B., and de Coligny F., 2006. Long-Term Influence of the Spatial Structure of an Initial State on the Dynamics of a Forest Growth Model: A Simulation Study Using the Capsis Platform. Simulation 2006 82: 475-495.

Goreaud F., de Coligny F., Courbaud B., Dhôte J.-F., Dreyfus P., Pérot T., 2005. La modélisation : un outil pour la gestion et l'aménagement en forêt. Vertigo 6(2). 12 pp.

Cucchi V., Meredieu C., Stokes A., de Coligny F., Suarez J., Gardiner B.A., 2005. Modelling the windthrow risk for simulated forest stands of Maritime pine (Pinus pinaster Ait.). Forest Ecology and Management, 213(1-3): 184-196.

Résumé du travail en cours

Capsis est une plateforme logicielle générique pour l'intégration de modèles de croissance et de dynamique forestière. La plateforme vise la communauté des modélisateurs forestiers français et étrangers, les gestionnaires forestiers avec lesquels ils sont en relation à des fins de transfert ainsi que les étudiants dans le cadre de la formation. Capsis a déjà été utilisé dans le cadre d'une quarantaine de projets depuis 1999. Il intéresse une large communauté au sein de l'INRA mais aussi de nombreux partenaires de la recherche et du développement.

Capsis présente la spécificité d'être très ouvert quant aux modèles accueillis : modèles de peuplements, modèles en classes de diamètres, modèles individus centrés spatialisés ou non, modèles agroforestiers, modèles mixtes à l'échelle du massif…, et qui peuvent être connectés à d'autres modèles intégrés ou non dans la plate-forme : génétique, biomécanique, spatialisation, bilan radiatif, vent, module économique etc. Des outils similaires étrangers ont été développés, généralement pour une application unique ou une région et sont souvent limités par leur restriction à un type de modèle ou par des droits de propriété. Capsis s'est de plus ouvert à d'autres objets que les arbres (poissons dans un réseau fluvial).

Les modélisateurs souhaitant intégrer un modèle de dynamique forestière dans Capsis sont invités à suivre une formation initiale courte qui les hisse au niveau de développeurs débutants, puis une session de démarrage accompagnée pour ensuite continuer l'intégration de leurs modèles depuis chez eux, en co-développement par réseau avec les animateurs informaticiens du projet à l'aide d'une palette d'outils simples et faisant l'objet d'une assistance.

Capsis est une plateforme légère, ne comportant pas de gros équipement spécifique. Les principales prestations offertes sont : formation, aide au démarrage, aide à la conception, support, animation du réseau Capsis avec une réunion annuelle. Les modélisateurs peuvent aussi profiter d'une aide ponctuelle plus marquée pour un développement plus technique (ex: bilan radiatif) ou devant être mutualisé dans une bibliothèque ouverte à tous. La plateforme constitue également un moyen d'échange, de mutualisation, de pérennisation (sauvegardes, projet dans la durée) et de synergies pour bâtir des partenariats ou aider à argumenter des réponses à des appels d'offres.

Un modèle à base de licences libres (LGPL) permet de travailler facilement ensemble dans un cadre clair, tous les composants sont partagés par tous les membres de la communauté de co-développement mais les modèles de croissance eux-mêmes ne sont diffusés à l'extérieur que sur décision de leurs auteurs. Le cœur du logiciel ainsi que les composants mutualisés (bibliothèques, extensions) sont libres.

Modélisation – Simulation – Visualisation de la Croissance des Plantes : le projet Digiplante à l'INRIA Saclay.

Philippe de Reffye (Cirad AMAP), Paul Henry Cournède (Ecole Centrale), Marc Jaeger (Inria Digiplante)

Mots-clés :
Architecture des plantes, fonctionnement des peuplements végétaux, modèles stochastiques, systèmes dynamiques sources-puits, identification paramétrique, optimisation et contrôle, images de synthèses.

Principales collaborations :
INRIA: Mirage, Artis, Idopt2, CIRAD: Amap, Ecotrop, Bionatics. INRA : Lepse,EGC, CEMAGREF: GR-eau, ITB, IRD, Chine: Liama, CAU, CAAS, Hollande Wageningen.

Publications récentes (5 maxi) :

Cournède, P.H., Kang, M.Z., Mathieu, A., Barczi, J.-F., Yan, H.P. et de Reffye, P., 2006. Structural factorization of plants to compute their functional and architectural growth. *Simulation - Transaction of the Society for modeling and simulation international*, 82(7): 427-438.

Ma Yuntao, Li Baoguo, Zhan Zhigang, GuoYan, Luquet Delphine, de Reffye Philippe, Dingkuhn Michael, 2007. Parameter Stability of the Structural-Functional Plant Model GreenLab as affected by Variation within Populations, among Seasons and among Growth Stages. Annals of Botany 99: 61–73, 2007

Kang, M.Z. et de Reffye, P., 2006. A mathematical approach estimating source and sink functioning of competing organs. *In:* J. Vos Crop et Weed Ecology Group (Eds), Proceeding of the Frontis workshop on Functional-structural plant modelling in crop production, Wageningen 5-8 march 2006, Wageningen University and Research Centre : Springer. *Wageningen UR Frontis Series*; pp. 1-11.

Zhang, X., Blaise, F. et Jaeger, M., 2006. Multiresolution plant models with complex organs. *In:* ACM International conference on virtual Reality continuum and its Applications, VRCIA 2006, Hong Kong 14-17 june 2006, ACM Press; pp. 331-334.

Soler, C., Sillion, F.X., Blaise, F. et de Reffye, P., 2003. An efficient instantiation algorithm for simulating radiant energy transfer in plant models. *ACM Transactions on Graphics*, 22(2): 204-233.

Résumé du travail en cours

L'Equipe Digiplante à l'Inria Saclay regroupe des chercheurs du Cirad, de l'ECP et de l'Inria . Le thème de recherche est l'application des connaissances en architecture des plantes et en écophysiologie à la production végétale. Plusieurs axes de recherches sont développés :

- Modélisation de la croissance et du développement architectural des plantes en interaction avec l'environnement.
- Développement du Formalisme associé au modèle basé sur la factorisation dans l'architecture. Equations dynamiques de la production.
- Identification paramétrique et validation du modèle sur les plantes cultivées.
- Mise au point sur le modèle de méthodes d'optimisation et de contrôle qui le rendent applicable aux sciences de l'environnement.

- Développement d'outils logiciels pour la simulation de la croissance des plantes, des cultures et des paysages fonctionnels.
- Représentation multi-échelle de plantes et de peuplements pour la synthèse d'images.

Le modèle GreenLab développé à Digiplante et au Liama (équipe associée chinoise) se caractérise par une approche du fonctionnement végétal au niveau du phytomère. L'organogénèse est simulée par un automate déterministe ou stochastique. La photosynthèse est basée sur l'interception de la lumière par les feuilles et la répartition de la biomasse se fait en fonction de l'attraction des organes selon leur force de puits. Les règles botaniques qui contrôlent le développement dans le modèle GreenLab, sont une adaptation du modèle AMAPsim créé au Cirad qui s'appuie sur la notion d'âge physiologique qui permet de factoriser des architectures complexes en sous-structures. Les règles écophysiologiques qui contrôlent la croissance dans le modèle GreenLab, sont des adaptations du modèle Hollandais Tomsim de Wageningen. Les notions d'efficience de la lumière, d'indice foliaire, de pool commun, de proportionnalités des puits permettent de produire et de répartir la biomasse dans la plante efficacement au cours des cycles de croissance. La connexion avec le module hydrique « Pilote » développé au Cemagref est en cours.

Le point fort du modèle GreenLab est l'utilisation systématique des équations de production en lieu et place d'une coûteuse simulation informatique. Cela permet l'utilisation des outils classiques des mathématiques appliquées, pour l'optimisation et le contrôle des systèmes dynamiques. L'identification paramétrique se fait sur les paramètres du fonctionnement des méristèmes (croissance, mort, ramification) et sur ceux de la croissance (fonctions sources et puits) à partir des données captées sur l'architecture de la plante (problème inverse). Les principales plantes cultivées sont à l'étude avec les partenaires, francais, chinois et hollandais. (blé, riz, maïs, colza, arabidopsis, tournesol, concombre, tomate, poivron, chrysanthème, caféier, pin, hêtre, …). Sur toutes ces plantes la calibration du modèle s'est opérée correctement.

L'identification paramétrique pour une utilisation en génétique quantitative (QTL) et le passage de la plante au peuplement végétal pour modéliser son fonctionnement afin d'accéder à la production végétale dans un environnement variable sont les principaux enjeux de l'équipe Digiplante.

Atelier

Plateformes, mutualisation des outils et des méthodes

Christian Fournier (EA, OpenAlea) & François de Coligny (EFPA, Capsis)

❖ Enjeux

L'approche plante virtuelle nécessite le développement et la maîtrise d'outils et de méthodes, en particulier informatiques assez spécifiques. Pour les biologistes, l'accès à ces outils/méthodes peut se faire au travers de différentes stratégies : collaboration avec des laboratoires d'informatiques, développements propres, sous-traitance, recrutement de compétences informatiques, utilisation d'applications spécifiques…. Des solutions collectives existent aussi, et sont fondées sur les notions de communauté de développement et de plateforme informatiques. Cet atelier propose de baliser l'adéquation de l'offre actuelle aux besoins des laboratoires, à partir de l'exemple concret de deux modes d'organisation collective existants (Capsis et OpenAlea). Ce travail peut aussi déboucher sur l'identification de manques, de complémentarités et de perspectives, en terme de plateformes et d'organisation. Il alimentera aussi la réflexion générale sur les plateformes en cours au sein de différentes entités (eg à l'intérieur du département EA).

Atelier

Mise en place d'un réseau 'Epidémiologie et Architecture' (EpiArch)

Bernard Tivoli (SPE) & Bertarnd Ney (EA)

❖ **<u>enjeux</u>**

- finalité sur la nature des questions biologiques à résoudre

Se placer dans l'optique de protection durable : la plante et/ou le couvert végétal (architecture) avec éventuellement ses caractéristiques de résistance (résistance partielle, résistance ontogénique, tolérance, échappement) **au cœur du système de protection**
Trois questions :
- Comment l'architecture agit-elle sur le développement de l'épidémie ?
- Comment ce développement épidémique conduit-il à des pertes de récolte ?

Et donc, comment s'appuyer sur l'architecture du peuplement végétal pour limiter le développement de l'épidémie (échappement) et limiter les dommages (tolérance) ?

- outils à mettre en œuvre

Conception et élaboration d'un modèle mécaniste à vocation générique :
  - modèle mécaniste à vocation de recherche incluant des paramètres d'entrée liés à la plante (phénotype, mode de conduite) et à la maladie (date d'apparition, sévérité,…);
  - modèle simplifié ne prenant en compte que les paramètres indispensables explicatifs d'une observation globale. La question étant de définir le degré de simplification acceptable.
  - modèle permettant d'élaborer des scénarii d'applications agronomiques telles que la conception d'un idéotype (plante robot) adapté à différentes situations pédoclimatiques ou d'une pratique culturale économe en intrants phytosanitaires.

- verrous éventuels

Au niveau scientifique, les verrous sont de plusieurs ordres :
- le **cloisonnement disciplinaire** qui amène à des questionnements différents autour de la plante (physiologie, écophysiologie, agronomie, génétique, pathologie, . . .). Il s'agira dans ce projet d'aborder la plante dans sa globalité afin de lui faire exprimer tous les potentiels quelle représente;
- l'approche des mécanismes épidémiques à l'**échelle du couvert et du peuplement** est relativement récente, et ce projet permettra de faire avancer les connaissances globales;
- la **place des mathématiques appliquées** dans le dispositif est essentielle et relativement nouvelle. Cette discipline doit jouer ici le rôle de ciment permettant d'agréger et de formaliser toutes les connaissances.

Au niveau technique, il s'agira :
- de passer du pathosystème spécifique à un **pathosystème générique** réaliste
- de **coupler deux dynamiques** (développement/croissance plante et dynamique épidémie) pour celles gérées jusqu'à présent indépendamment l'une de l'autre;
- de se dégager de la description fine des processus et ne retenir que l'essentiel d'un processus, ce qui nécessite **l'élaboration d'une science de la 'simplification'**.

❖ **construction d'une stratégie collective**

- priorités scientifiques

Les priorités scientifiques :
1 – de construire un schéma concpetuel commun (ou différent) des pathosystèmes étudiés pour aboutir a une généricité forte
2 – de choisir le (ou les) formalismes mathématiques et informatiques propres à a boutir à une modélisation du systèmes (palteformes)
3- hiérarchiser les variables et paramètres en jeu pour chacun des pathosystèmes pour promouvoir uen recherche analytique pertinente et éventuellement commune

- besoins méthodologiques

- réflexion autour du niveau d'explicitation et de simplification des processus;
- représentation de la plante virtuelle idéale pour répondre aux besoins d'études épidémiologiques et de pertes de rendement;
- couplage des modèles plante/couvert et épidémie

- synergies à mettre en œuvre
  - réseaux scientifiques thématiques

Co-animation SPE-EA. Ce réseau pluridisciplinaire INRA (en collaboration avec des partenaires Ecoles, CIRAD, INRIA…), repose sur la **mutualisation des compétences/savoir-faire/acquis de nos équipes SPE, EA, GAP et MIA** afin de soutenir la réflexion des différentes équipes travaillant sur cette thématique et de permettre les **échanges scientifiques interdisciplinaires**
Objectifs du réseau EpiArch

- **information** sur l'avancée des recherches
- **mutualisation** des démarches et des outils
- **structuration** de la recherche
- **mise en place d'un programme** de recherche pluridisciplinaire pérenne (ANR Blanc, Systerra)
- mise en partage d'outils
- identification de champs non couverts et de projets à initier

Liste des participants

Nom	Prénom	e-mail	Organisme	Laboratoire
ADAM	Boris	adam@clermont.inra.fr	INRA	UMR Physique et physiologie intégratives de l'arbre fruitier et forestier (PIAF)
ALLIRAND	Jean-michel	allirand@grignon.inra.fr	INRA	UMR Environnement et grandes cultures (EGC), équipe Plante
ANDRIEU	Bruno	bruno.andrieu@ grignon.inra.fr	INRA	UMR Environnement et grandes cultures (EGC), équipe Plante
ANDRIVON	Didier	didier.andrivon@ rennes.inra.fr	INRA	UMR Biologie des organismes et des populations appliquée à la protection des plantes (BiO3P)
AUCLAIR	Daniel	auclair@cirad.fr	INRA	UMR Botanique et bioinformatique de l'architecture des plantes (AMAP)
BANCAL	Pierre	bancal@ bcgn.grignon.inra.fr	INRA	UMR Environnement et grandes cultures (EGC)
BARTHELEMY	Daniel	barthelemy@cirad.fr	INRA	UMR Botanique et bioinformatique de l'architecture des plantes (AMAP)
BERTHOD	Marc	marc.berthod@inria.fr	INRIA	Direction de la Recherche
BOUMAZA	Rachid	rachid.boumaza@inh.fr	INH	UMR Sciences agronomiques appliquées à l'horticulture (SAGAH)
BRUCKLER	Laurent	Laurent.Bruckler@ avignon.inra.fr	INRA	Département Environnement et Agronomie
BRUN	François	fbrun@toulouse.inra.fr	ACTA	DS
BRUNET	Yves	brunet@ bordeaux.inra.fr	INRA	UR Écologie fonctionnelle et physique de l'environnement (Ephyse)
BUSSIERE	François	francois.bussiere@ antilles.inra.fr	INRA	UR agropédoclimatique de la zone caraïbe (APC)
CALONNEC	Agnès	calonnec@ bordeaux.inra.fr	INRA	UMR Santé Végétale (UMRSV)
CARTIGNY	Pierre	pierre.cartigny@ supagro.inra.fr	INRA	UMR Analyse des systèmes et biométrie (ASB)
CHELLE	Michaël	chelle@grignon.inra.fr	INRA	UMR Environnement et grandes cultures (EGC), équipe Plante
CHRISTOPHE	Catherine	cch@paris.inra.fr	INRA	DS Plante et Produits du Végétal
CONSTANT	Thiéry	constant@nancy.inra.fr	INRA	UMR Études des ressources forêt-bois (LERFOB)
COSTES	Evelyne	costes@supagro.inra.fr	INRA	UMR Développement et amélioration des plantes (DAP), équipe AFEF
DE REFFYE	Philippe	philippe.de_reffye@ cirad.fr	CIRAD	UMR Botanique et bioinformatique de l'architecture des plantes (AMAP)
DE COLIGNY	Francois	coligny@cirad.fr	INRA	UMR Botanique et bioinformatique de l'architecture des plantes (AMAP)
DEMOTES-MAINARD	Sabine	sabine.demotes@ angers.inra.fr	INRA	UMR Sciences agronomiques appliquées à l'horticulture (SAGAH)
DONES	Nicolas	dones@clermont.inra.fr	INRA	UMR Physique et physiologie intégratives de l'arbre fruitier et forestier (PIAF)
DOUSSAN	Claude	doussan@ avignon.inra.fr	INRA	UMR Environnement méditerranéen et modélisation des agro - hydrosystèmes (EMMAH)
ESCOBAR GUTIE RREZ	Abraham	abraham.escobar@ lusignan.inra.fr	INRA	UR Recherche pluridisciplinaire prairies et plantes fourragères (P3F), équipe Ecophysiologie
FAIVRE	Robert	Robert.Faivre@ toulouse.inra.fr	INRA	UR Biométrie et Intelligence Artificielle (BIA)
FOURCAUD	Thierry	thierry.fourcaud@ cirad.fr	CIRAD	UMR Botanique et bioinformatique de l'architecture des plantes (AMAP)
FOURNIER	Christian	Christian.Fournier@ supagro.inra.fr	INRA	UMR Écophysiologie des plantes sous stress environnementaux, MAGE
GIAUFFRET	Catherine	catherine.giauffret@ mons.inra.fr	INRA	UMR Stress abiotiques et différenciation des végétaux cultivés (SADV)
GRIFFON	Sébastien	sgriffon@cirad.fr	CIRAD	UMR Botanique et Bioinformatique de l'Architecture des Plantes (AM AP)
GUERIN	Vincent	vincent.guerin@ angers.inra.fr	INRA	UMR Sciences agronomiques appliquées à l'horticulture (SAGAH)
HAMANT	Olivier	olivier.hamant@ ens-lyon.fr	ENS Lyon	UMR Reproduction et développement des plantes (RDP)

Nom	Prénom	e-mail	Organisme	Laboratoire
HOULLIER	François	houllier@paris.inra.fr	INRA	DS Plante et Produits du Végétal
JULIEN	Jean-louis	J-Louis.JULIEN@ univ-bpclermont.fr	Université Blaise Pascal Clermont-Ferrand 2	UMR Physique et physiologie intégratives de l'arbre fruitier et forestier (PIAF)
JULLIEN	Alexandra	alexandra.jullien@ agroparistech.fr	AgroParisTech	UMR Environnement et grandes cultures (EGC), équipe Plante
LACOINTE	André	lacointe@ clermont.inra.fr	INRA	UMR Physique et physiologie intégratives de l'arbre fruitier et forestier (PIAF), équipe BioDHiv
LAURI	Pierre-eric	lauri@supagro.inra.fr	INRA	UMR Développement et amélioration des plantes (DAP), équipe AFEF
LECOEUR	Jérémie	lecoeur@ supagro.inra.fr	Montpellier SupAgro	Département Sciences du Végétal
LEFEVRE	Francois	lefevre@avignon.inra.fr	INRA	UR Écologie des forêts méditerranéennes (UREFM)
LOISEL	Patrice	patrice.loisel@ ensam.inra.fr	INRA	UMR Analyse des systèmes et biométrie (ASB)
LUQUET	Delphine	luquet@cirad.fr	CIRAD	UPR Modélisation Intégrative
MA	Kai	kma@avignon.inra.fr	INRA	UMR Environnement méditerranéen et modélisation des agro - hydrosystèmes (EMMAH)
MONNET	Yannick	yannick.monnet@ rennes.inra.fr	INRA	UMR Biologie des organismes et des populations appliquée à la protection des plantes (BiO3P)
MOULIA	Bruno	moulia@clermont.inra.fr	INRA	UMR Physique et physiologie intégratives de l'arbre fruitier et forestier (PIAF), MECA
MUNIER-JOLAIN	Nathalie	munierjo@dijon.inra.fr	INRA	UMR Génétique et écophysiologie des légumineuses (UMR-LEG)
NEY	Bertrand	ney@agroparistech.fr	AgroParisTech	UMR Environnement et grandes cultures (EGC), équipe Plante
PAGÈS	Loïc	loic.pages@ avignon.inra.fr	INRA	UR Plantes et systèmes de culture horticoles (PSH)
QUILOT-TURION	Bénédicte	quilot@avignon.inra.fr	INRA	UR Génétique et amélioration des fruits et légume (UGAFL), équipe Bases Génétiques et Moléculaires de la Qualité des Fruits
RIGOLOT	Eric	rigolot@avignon.inra.fr	INRA	UR Écologie des forêts méditerranéennes (UREFM)
SAUDREAU	Marc	marc.saudreau@ clermont.inra.fr	INRA	UMR Physique et physiologie intégratives de l'arbre fruitier et forestier (PIAF)
SIMONNEAU	Thierry	simonnea@ supagro.inra.fr	INRA	UMR Écophysiologie des plantes sous stress environnementaux (LEPSE)
SINOQUET	Hervé	sinoquet@ clermont.inra.fr	INRA	UMR Physique et physiologie intégratives de l'arbre fruitier et forestier (PIAF), équipe Ami
TIVOLI	Bernard	bernard.tivoli@ rennes.inra.fr	INRA, SPE	UMR Biologie des organismes et des populations appliquée à la protection des plantes (BiO3P)
TRAAS	Jan	Jan.Traas@ens-lyon.fr	INRA	UMR Reproduction et développement des plantes (RDP), équipe méristème floral
VERCAMBRE	Gilles	vercambre@ avignon.inra.fr	INRA	UR Plantes et systèmes de culture horticoles (PSH)
VINKLER	Isabelle	vinkler@engref.fr	ENGREF	UMR Études des ressources forêt-bois (LERFOB)
VOISIN	Anne-sophie	voisin@dijon.inra.fr	INRA	UMR Génétique et écophysiologie des légumineuses (UMR-LEG), équipe écophysiologie
WENDEN	Bénédicte	bwenden@ versailles.inra.fr	INRA	UR Génétique et amélioration des plantes (SGAP)