



PROJET EXPLORA-
TOIRE

2021-2023

Coordination

Anne Goelzer

MaIAGE

anne.goelzer@inrae.fr

Olivier Loudet

IJPB

olivier.loudet@inrae.fr

Mots clés

Phénotypage haut débit

Stress abiotique combiné

Lien génotype-phénotype

Modèle d'allocation de ressources

Biologie des systèmes végétaux

Unités INRAE impliquées

MaIAGE

IJPB

Prédire les phénotypes végétaux sous stress combinés grâce à des modèles d'allocation des ressources



© INRAE

Contexte, enjeux et objectifs

Prédire la réponse d'une plante à son environnement est aujourd'hui un défi majeur en biologie végétale. En effet, les transformations multiples liées au changement climatique, à la raréfaction de certaines ressources naturelles, à la nécessité de réduire les intrants agricoles génèrent des situations de plus en plus complexes, que les agronomes doivent appréhender.

Pour les aider dans cette prédiction, des modèles de plantes à l'échelle de l'individu, tels que les modèles physiologiques, existent. Cependant, la capacité de ces modèles à intégrer des situations complexes reste limitée, car les processus qui se déroulent aux échelles cellulaires et moléculaires – où l'adaptation se produit – y sont mal décrits. Le développement de nouveaux modèles multi-échelles est donc nécessaire. Le défi du projet PlantRBA consiste donc à affiner la description des échelles cellulaires et sub-cellulaires dans la modélisation des plantes (et plus généralement des organismes multicellulaires) et ainsi de mieux établir le lien entre génotype et phénotype d'un organisme.

L'objectif de ce projet était de relever ce défi en développant, calibrant et validant le premier modèle mathématique capable de prédire le phénotype de la plante modèle *Arabidopsis thaliana* en conditions de stress combiné (azote et eau). Ce modèle multi-échelle est basé sur l'approche d'allocation des ressources (**Resource Balance Analysis - RBA**), et appelle la résolution de problèmes d'optimisation linéaire. Il intègre également une grande quantité d'information sur les molécules et les processus biologiques à l'œuvre chez *A. thaliana* en condition de stress combinés. Pour y parvenir, une équipe interdisciplinaire - associant des expertises en mathématiques appliquées, informatique et biologie végétale s'est d'abord focalisée sur la cellule photosynthétique de la feuille d'*Arabidopsis thaliana*. La modélisation a intégré les échelles cellulaires et moléculaires, et une partie expérimentale a été mise en place pour permettre la calibration et la validation du modèle.

Résultats

L'apport de la modélisation : un modèle affiné et des outils associés

Une première version du modèle RBA a été développée dès la première année du projet, accompagné d'un ensemble d'algorithmes et du logiciel **PlantCellRBA**. Ce premier modèle mathématique a pu prédire la réponse phénotypique de la cellule végétale étudiée – notamment le taux de croissance relatif et le ratio C/N - en cohérence avec les données de référence. Le projet PlantRBA a également montré la capacité de ce modèle à faire des prédictions fiables dans des conditions complexes, sans contrainte empirique, en comparaison avec un modèle de type Flux Balance Analysis.

Un premier stage a permis de standardiser, annoter et compléter le modèle initial. Le modèle a ensuite été expertisé collectivement par les équipes de l'IJPB et de MalAGE à mi-projet dans le cadre d'une retraite, avant d'être publié [1-2]. Le logiciel PlantCellRBA a fait l'objet d'une **déclaration d'invention** sous le numéro #DI-RV-23-0101.

Un second stage a par la suite permis le développement d'un package R dédié, afin de mettre en évidence de façon interactive, les réactions d'intérêt au sein d'un modèle métabolique (combinant gènes, protéines et métabolites différentiellement exprimés), grâce à l'utilisation du logiciel MetExploreViz, développé par l'UMR Toxalim d'INRAE. Ce package R permettra de faciliter l'exploration et l'interprétation des données omiques¹.

L'apport de l'expérimentation : un vaste jeu de données phénomiques

La partie expérimentale a permis de générer une base de données considérable grâce à l'utilisation du [Phenoscope](#) de l'IJPB, un outil de phénotypage haut-débit permettant la culture et l'observation simultanée de centaines de plantes. L'équipe a ainsi recueilli des données protéomiques, transcriptomiques, métabolomiques et de phénotypage sur neuf conditions environnementales (variations de ressource en eau, en azote ou les deux) ainsi que sur deux génotypes. Ces données ont été utilisées pour valider le modèle, d'abord en conditions contrôlées sans stress, ou avec un stress unique (liée à une seule ressource) puis pour définir le domaine de validité du modèle, en conditions de stress combinés.

Perspectives

Deux nouveaux partenaires pour poursuivre les recherches dans le cadre du projet ANR ModLSys

Ce projet a permis de consolider les collaborations déjà établies entre MalAGE et l'IJPB, tout en ouvrant la voie à de nouveaux partenariats. En effet, cette recherche va se poursuivre grâce au financement de l'ANR avec le projet de recherche collaboratif [ModLSys](#) (2023-2028) qui implique deux nouveaux partenaires :

- L'unité Mathématiques et Informatique pour la Complexité et les Systèmes (**MISC**) de CentraleSupélec pour traiter les données expérimentales et faire le lien avec le modèle RBA ;
- L'Institut des Sciences des Plantes de Montpellier (**IPSiM**) d'INRAE qui contribuera à l'intégration des réponses racinaires à l'échelle de la plante entière.

Ce financement, d'une hauteur de 516 k€ pour cinq ans, permettra notamment de soutenir, deux ans de post-doctorat et deux ans et demi d'ingénierie. L'objectif principal du projet ModLSys est d'approfondir la compréhension de la gestion de l'azote au cours de la phase de croissance exponentielle, en combinant approches biologiques et modélisation mathématique pour analyser les différentes réponses adaptatives de la plante. Ce projet s'appuie fortement sur les résultats de PlantRBA, en particulier sur le dispositif expérimental à mettre en place pour calibrer et/ou valider ces nouveaux modèles, sur le jeu de données produit [3-4], sur le modèle et PlantCellRBA [2].

Ces travaux seront complétés par la [thèse de Nadia Bessoltane](#) (démarrée en 2024 et labellisée par DIGIT-BIO) qui vise à évaluer comment les modèles métaboliques peuvent être utilisés pour explorer et analyser des données omiques.

Publications



1. Anne Goelzer, Loïc Rajjou, Fabien Chardon, Olivier Loudet, Vincent Fromion. Resource allocation modeling for autonomous prediction of plant cell phenotypes, *Metabolic Engineering*, 2024, 83, p 86-101 ([10.1016/j.ymben.2024.03.009](https://doi.org/10.1016/j.ymben.2024.03.009)). **Fait marquant scientifique INRAE 2024.**
2. Oliver Bodeit, Nadia Bessoltane, Delphine Charif, Anaghim Temtem, Olivier Inizan, Anne Goelzer. RBAPy: Extending resource allocation modeling to eukaryotes in complex environments. Preprint 2026. <https://hal.inrae.fr/hal-05585881>.
3. Bacave, H., Huguet, P., Belin, E., Gilbault, E., Zurfluh, O. O., Loudet, O., Letort-lechevalier, Goelzer, A. From Phenoscope to GreenLab model of Arabidopsis to decipher genotype and treatment effects. In 2025 Joint International Conference on Crop/Plant Modeling, Big Data and Applications (2025PMBDA).
4. Bacave, H., Huguet, P., Belin, E., Gilbault, E., Zurfluh, O. O., Loudet, O., Letort-lechevalier, Goelzer, A. From Phenoscope to GreenLab model of Arabidopsis to decipher genotype and treatment effects. Preprint 2026. <https://hal.inrae.fr/DIGIT-BIO/hal-05611239>.

Voir l'ensemble des publications et communications issues du projet sur <https://digitbio.hub.inrae.fr/>

