

RAPPORT D'ÉVALUATION DE L'UNITÉ
GM - Génomique Métabolique

SOUS TUTELLE DES ÉTABLISSEMENTS ET
ORGANISMES :

Université d'Évry-Val-d'Essonne - UEVE

Commissariat à l'énergie atomique et aux
énergies alternatives - CEA

Centre national de la recherche scientifique -
CNRS

CAMPAGNE D'ÉVALUATION 2024-2025
VAGUE E

Rapport publié le 07/04/2025



Au nom du comité d'experts :

Frédéric Coulon, président du comité

Pour le Hcéres :

Stéphane Le Bouler, président par intérim

En application des articles R. 114-15 et R. 114-10 du code de la recherche, les rapports d'évaluation établis par les comités d'experts sont signés par les présidents de ces comités et contresignés par le président du Hcéres.

Pour faciliter la lecture du document, les noms employés dans ce rapport pour désigner des fonctions, des métiers ou des responsabilités (expert, chercheur, enseignant-chercheur, professeur, maître de conférences, ingénieur, technicien, directeur, doctorant, etc.) le sont au sens générique et ont une valeur neutre.

Ce rapport est le résultat de l'évaluation du comité d'experts dont la composition est précisée ci-dessous. Les appréciations qu'il contient sont l'expression de la délibération indépendante et collégiale de ce comité. Les données chiffrées de ce rapport sont les données certifiées exactes extraites des fichiers déposés par la tutelle au nom de l'unité.

MEMBRES DU COMITÉ D'EXPERTS

Président : M. Frédéric Coulon, Cranfield University, Royaume-Uni

Experts : Mme Sophie Abby, Centre national de la recherche scientifique, Grenoble (représentant du CoNRS)
Mme Stéphanie Heux, Institut national de recherche pour l'agriculture, l'alimentation et l'environnement, Toulouse
M. Jean-Luc Parrou, Centre national de la recherche scientifique, Toulouse (Personnel d'Appui à la Recherche)
M. Bertrand Seraphin, Centre national de la recherche scientifique, Strasbourg (représentant du CNU)

REPRÉSENTANT DU HCÉRES

M. Xavier Cousin

REPRÉSENTANTS DES ÉTABLISSEMENTS ET ORGANISMES TUTELLES DE L'UNITÉ DE RECHERCHE

Mme Simone Mergui, CEA
Mme Christelle Monville, Université Evry Val d'Essonne-Université Paris Saclay
M. Christian Muchardt, CNRS

CARACTÉRISATION DE L'UNITÉ

- Nom : Génomique Métabolique
- Acronyme : GM
- Label et numéro : UMR 8030
- Nombre d'équipes : 6
- Composition de l'équipe de direction : M. Patrick Wincker (directeur), Mme Véronique de Berardinis (directrice adjointe)

PANELS SCIENTIFIQUES DE L'UNITÉ

SVE Sciences du vivant et environnement
SVE1 Biologie environnementale fondamentale et appliquée, écologie, évolution

THÉMATIQUES DE L'UNITÉ

L'unité Génomique et Métabolisme (GM) s'inscrit dans une démarche de recherche multidisciplinaire (bio-informatique, génomique évolutive et comparative, biologie synthétique, chimie) qui s'articule autour de l'exploration fonctionnelle de la diversité des organismes, fondée sur l'étude des génomes et des métagénomes. L'unité est organisée en six équipes : 'Laboratoire d'Analyses Bioinformatiques en Génomique et Métabolisme' (LabGem), 'Laboratoire d'Analyses Génomiques des Eucaryotes' (Lage), 'Laboratoire de Bioinformatique pour la Génomique et la Biodiversité' (LBGB), 'Laboratoire de Génomique et Biochimie du Métabolisme' (LGBM), 'Laboratoire de Bioremédiation, Biocatalyse et Métabolisme synthétique' (L2BMS), Laboratory of System and Synthetic biology (LissB). L'objectif de l'unité est de mieux comprendre les structures et les fonctions des communautés microbiennes en lien avec leur environnement physique. Le laboratoire se concentre particulièrement sur l'étude du métabolisme microbien en s'appuyant sur des outils de génomique fonctionnelle et d'évolution contrôlée pour déchiffrer des voies métaboliques encore peu connues. En outre, des approches de biologie des systèmes, appliquées aux données spatiales et omiques, permettent de pousser plus loin la compréhension des processus biologiques à l'échelle cellulaire et communautaire. L'unité bénéficie d'une forte collaboration avec le Genoscope, qui apporte un soutien en informatique de haute performance et en techniques de séquençage à haut débit, crucial pour l'avancée des projets de recherche. L'équipe combine des expertises variées dans des domaines comme la biologie moléculaire, la biochimie, la chimie, et la bio-informatique, favorisant ainsi une approche intégrée et transversale. Les travaux de l'unité touchent à la génomique évolutive et comparative, aussi bien pour les procaryotes que pour les eucaryotes, avec des applications dans des projets internationaux de grande envergure, tels que Tara Oceans (une des expéditions océaniques menées par la Fondation Tara Océan). Le laboratoire s'intéresse aussi à l'ingénierie métabolique et à la biologie synthétique pour diversifier la chimie des organismes vivants et développer des solutions innovantes dans le domaine de la biocatalyse. Ces travaux, orientés vers le développement durable, visent à réduire la dépendance aux combustibles fossiles en proposant des procédés plus respectueux de l'environnement. Le laboratoire s'illustre également par ses avancées dans la reconstruction de paysages moléculaires complexes à l'aide de nouvelles technologies comme la transcriptomique spatiale, ouvrant des perspectives nouvelles pour la compréhension des processus de développement multicellulaire et leurs dérégulations. L'ensemble de ces activités s'inscrit dans une dynamique où les technologies de pointe et l'innovation scientifique sont mises au service de la recherche fondamentale et appliquée, avec des répercussions directes dans les domaines médicaux, écologiques et biotechnologiques.

HISTORIQUE ET LOCALISATION GÉOGRAPHIQUE DE L'UNITÉ

L'unité, située à Évry, au sud de Paris, est le centre de recherche fondamentale du Genoscope, dédié à l'exploration des génomes et rattaché à l'Institut de biologie François-Jacob du CEA. Créée en 2000, l'unité a vu ses thématiques de recherche évoluer en lien avec les avancées technologiques, notamment avec l'apparition des techniques de séquençage de nouvelle génération. Initialement focalisée sur l'analyse des génomes eucaryotes et procaryotes, elle s'est progressivement tournée vers la génomique environnementale, explorant notamment la biodiversité au travers d'études métagénomiques, et participant à des projets internationaux comme les expéditions Tara.

En 2005, l'UMR a aussi élargi son champ d'études à la compréhension du métabolisme microbien, en mettant l'accent sur l'exploitation de la biodiversité pour des applications en biotechnologie. En parallèle, elle a développé un axe de biologie synthétique, visant à créer de nouveaux systèmes métaboliques, avec un intérêt particulier pour la chimie verte et les alternatives durables à la chimie traditionnelle. En 2017, cet axe a pris une nouvelle dimension avec l'intégration de chercheurs de l'Institut de Biologie systémique et synthétique, renforçant les capacités d'innovation de l'unité. La relocalisation de ces équipes dans les locaux du Genoscope en 2022 a marqué une nouvelle étape, favorisant des collaborations internes et consolidant les efforts de recherche en génomique, métabolisme et biologie synthétique.

ENVIRONNEMENT DE RECHERCHE DE L'UNITÉ

L'unité, intégrée au Genoscope au sein de l'Institut de Biologie François Jacob (IBFJ) du CEA, est associée au CNRS et à l'Université Paris-Saclay, avec une implication dans les départements de biologie et de chimie de cette dernière. Elle participe activement aux Écoles Doctorales Biosphera, Life Science and Health, et Chimie de l'Université Paris-Saclay et contribue à la formation pré-doctorale par l'intermédiaire de ses enseignants-chercheurs et l'accueil de stagiaires.

L'unité est également un acteur clé du Genopole Biocluster et partenaire fondateur de la Fédération de Recherche pour l'Étude de l'Écologie et de l'Évolution des Systèmes Océaniques Globaux (FR2022 Tara Gosee: Global Ocean Systems Ecology & Evolution), dédiée à l'analyse de données marines à grande échelle. GM représente le CEA au comité directeur d'IbiSba.fr, la version française de l'infrastructure européenne IbiSba.eu, axée sur le développement de biotechnologies pour la bioéconomie circulaire. Par ailleurs, l'unité est impliquée dans le Comité de Pilotage scientifique national pour le plan chlordécone 4.

L'unité collabore avec des structures comme France Génomique et l'Institut français de Bioinformatique (IFB), et participe au comité de pilotage de l'Université Paris-Saclay Action Microbes. Elle bénéficie des services du SeqLab et du LiSLab du Genoscope pour le séquençage et l'analyse de grandes quantités de données.

Dans le cadre du programme d'investissements d'avenir (PIA), l'unité est active dans plusieurs projets majeurs, dont trois Équipements d'excellence (équipex) : Augmented Observatories European Marine Biological Resource Centre (AO-EMBRC), Mutualised Digital Spaces for Fair Life Sciences (Mudis4SL), et Active Learning to Accelerate Biocatalyst Development for INDUSTRIAL biotechnology (Aladin). Elle participe également à trois programmes et équipements prioritaires de Recherche (PEPR) : B-Best (biomasses et biotechnologies durables pour la chimie et les carburants), AtlaSea (séquençage de 4500 espèces marines eucaryotes), et Spleen (innovation pour la décarbonation des procédés industriels).

Au niveau régional, l'unité contribue à des clusters en Île-de-France, renforçant ses interactions avec d'autres centres de recherche et entreprises. Sur la scène internationale, elle est un membre actif du cluster Ibisba.fr, qui fera partie d'Ibisba.eu, un réseau pan-européen regroupant 21 universités de dix pays. L'unité est également impliquée dans des plateformes internationales, comme la plateforme MicroScope et la plateforme de clonage et criblage d'activités enzymatiques du Genoscope (FunDivEx), qui offrent des services d'annotation génomique et d'exploration enzymatique. Elle participe aussi à des projets de séquençage global suite à des initiatives comme les Expéditions Tara et la création de génomes de référence.

EFFECTIFS DE L'UNITÉ : en personnes physiques au 31/12/2023

Catégories de personnel	Effectifs
Professeurs et assimilés	3
Maitres de conférences et assimilés	5
Directeurs de recherche et assimilés	15
Chargés de recherche et assimilés	19
Personnels d'appui à la recherche	46
Sous-total personnels permanents en activité	88
Enseignants-chercheurs et chercheurs non permanents et assimilés	0
Personnels d'appui non permanents	17
Post-doctorants	7
Doctorants	20
Sous-total personnels non permanents en activité	44
Total personnels	132

RÉPARTITION DES PERMANENTS DE L'UNITÉ PAR EMPLOYEUR : en personnes physiques au 31/12/2023. Les employeurs non tutelles sont regroupés sous l'intitulé « autres ».

Nom de l'employeur	EC	C	PAR
CEA	0	58	82
UEVE	16	0	2
CNRS	0	8	8
Autre	0	1	0
Total personnels	16	67	92

AVIS GLOBAL

L'unité se distingue par son approche intégrée dans l'étude des écosystèmes complexes au niveau national et international, en combinant génomique, métabolisme et biologie de synthèse. L'intégration de l'Institut de Biologie synthétique et systémique (iSSB) dans les locaux de l'unité a renforcé les synergies entre les équipes, facilitant la coordination des projets transdisciplinaires et l'émergence de nouvelles collaborations. Les objectifs de l'unité, axés sur l'extension des connaissances en génomique et en métabolisme, ont été largement atteints grâce au développement de méthodologies de pointe pour l'étude des bactéries et des protistes, révélant l'impact du changement climatique sur les populations microbiennes et permettant des applications pratiques dans la chimie écologique, comme le développement de biocatalyseurs dans un contexte de remédiation environnementale.

La production scientifique excellente de l'unité inclut 409 publications dans des revues à comité de lecture démontrant une grande diversité en termes de journal et de sujet. Les publications dans des revues généralistes à large audience telles que Nature (x6), Science (x8), Cell (x3), Proceedings of the National Academy of Sciences USA (x8) et Nature Communications (x24) sont d'une qualité exceptionnelle et témoignent de la capacité de l'unité à aborder des problématiques complexes à l'échelle internationale. Cette visibilité est renforcée par des collaborations fortes avec des partenaires industriels tels qu'Essilor, GRDF et Michelin, capables de répondre à des défis sociétaux majeurs comme la crise de biodiversité et la pollution. Le dynamisme collaboratif au sein de l'unité se manifeste par l'implication dans plus de 106 publications co-écrites, représentant 26 % du total des publications, soulignant le rôle central de l'équipe Lage dans la recherche transdisciplinaire. De plus, 23 % des publications incluent la contribution de doctorants, montrant l'engagement de l'unité dans la formation des jeunes chercheurs et le transfert de connaissances aux générations futures.

Les travaux marquants de l'unité portent sur la description de la biodiversité en particulier la diversité microbienne marine étudiée lors de plusieurs expéditions Tara. Ces travaux ont permis l'identification d'une nouvelle famille de virus établissant un lien évolutif avec les virus de l'herpès pathogènes chez l'homme (Nature), de modéliser des liens entre communautés planctoniques et régions biogéographiques dans une perspective de changement global (Nature Climate Change) et de comprendre l'adaptation fonctionnelle des coraux au changement climatique (Nature Communications [x3]). L'unité est impliquée dans des projets de génomique innovants, comme le projet AtlaSea lancé en 2023, qui souligne son rôle central dans l'avancée des connaissances sur les systèmes génétiques et les interactions environnementales. L'unité se distingue également par son activité dans le développement de techniques de séquençage et des méthodes bio-informatiques pour l'assemblage de génomes eucaryotes complexes, et de méthodes bio-informatiques internationalement reconnues pour l'annotation par génomique comparative (plateforme Microscope) et l'analyse des pangénomomes procaryotes (logiciel PPanGGolin). Des projets comme ceux menés par l'équipe LissB explorent l'intégration des Xeno-Nucleic Acids pour concevoir des microorganismes synthétiques sécurisés, repoussant les limites de la biologie moléculaire et ouvrant de nouvelles perspectives pour la biosynthèse et le génie génétique. Dans ce cadre, la caractérisation de virus possédant un ADN non canonique et des polymérase adaptées à sa réplication est stimulante et prometteuse (Science).

L'engagement de l'unité envers la science ouverte se manifeste par des pratiques rigoureuses pour garantir l'accès aux données et la reproductibilité des résultats. En particulier, l'unité a été récompensée par le Prix de la Science ouverte pour son logiciel PPanGGolin en 2023, affirmant son rôle de leader mondial dans le développement d'outils bio-informatiques avancés.

Les collaborations avec des institutions d'envergure internationale comme l'École Polytechnique, ainsi que des partenariats industriels tels que Galapagos/Novalex, illustrent l'engagement de l'unité à maximiser son impact au-delà du cadre strictement académique. Ces partenariats renforcent aussi les capacités internes en modélisation et étude structurale et facilitent le transfert technologique vers des applications cliniques et industrielles. Cependant, l'unité rencontre des défis de cohésion en raison de sa diversité thématique, nécessitant une attention particulière à la gestion des synergies entre les différentes équipes. Par exemple, la sous-équipe SysFate (LissB) se concentre sur la biologie des maladies neurodégénératives, développant des organoïdes cérébraux pour comprendre le cancer et la maladie d'Alzheimer. Il est encore difficile à ce stade

de déterminer comment cette équipe s'intègre pleinement avec les autres et les thématiques, bien qu'elle contribue à optimiser l'utilisation des ressources.

L'unité prévoit de renforcer ses programmes de recherche en intégrant davantage l'intelligence artificielle dans ses équipes de bio-informatique, en développant des applications biotechnologiques en chimie environnementale et en promouvant les initiatives en biologie de synthèse. Cette stratégie permet à l'unité de maintenir son positionnement stratégique tant au niveau national qu'au niveau international dans l'étude des systèmes biologiques complexes, affirmant ainsi l'unité comme un leader mondial dans l'intégration de la génomique avec des approches systématiques.

ÉVALUATION DÉTAILLÉE DE L'UNITÉ

A — PRISE EN COMPTE DES RECOMMANDATIONS DU PRÉCÉDENT RAPPORT

Les recommandations adressées à l'UMR « Génomique Métabolique ») ont été prises en compte de manière proactive par l'unité. Concernant la production scientifique, l'unité a renforcé sa stratégie de publication dans des revues de haut niveau. L'unité a également renforcé sa participation et affirmé son rôle de leader dans des projets compétitifs et ambitieux, financés par des fonds publics, tels que ceux de ANR et de l'Union européenne (UE), ainsi que dans des initiatives privées soutenues par l'industrie. Depuis 2018, la direction a favorisé la soumission de projets collaboratifs, entraînant une hausse significative des propositions déposées. Après 2020, cette dynamique s'est intensifiée, avec 96 projets soumis à l'ANR, dont 60 financés, incluant dix-sept en tant que coordinateurs, ce qui est remarquable. De plus, l'unité a réussi à obtenir des financements pour des projets majeurs et structurants tels que les PEPR, notamment le PEPR AtlaSea.

Pour attirer des doctorants, post-doctorants et chercheurs permanents, l'unité a intensifié ses efforts de visibilité, avec une forte participation dans les formations de Master et l'accueil de nombreux stagiaires et doctorants. Entre 2018 et 2023, 53 doctorants ont soutenu ou sont en cours de thèse, contre quinze lors de la période précédente. L'unité a également accueilli plusieurs chercheurs et ingénieurs, tout en obtenant des postes académiques comme une Chaire de professeur junior (CPJ) en génomique environnementale et un MCF en biologie synthétique. Cependant, l'ouverture sur l'accueil de personnels non francophones et le travail de formation en anglais restent limités.

Sur le plan organisationnel, des réunions mensuelles avec les chefs de laboratoire ont été mises en place pour améliorer la transparence et la communication interne, avec des séminaires réguliers pour encourager la collaboration entre équipes.

En ce qui concerne la stratégie scientifique, l'unité a intensifié les interactions entre ses différentes composantes, notamment entre les équipes de bio-informatique et de génomique environnementale. Des collaborations ont abouti à plusieurs projets communs, comme le PEPR B-Best (Plan de Recherche et d'Innovation Biodiversity — Ecosystem Services — Society - Transformation) et l'équipex Aladin (Équipements d'Excellence Analyse des Données et des Interactions pour la Nature). L'unité a également étendu ses recherches sur les écosystèmes terrestres en parallèle de ses travaux sur les écosystèmes marins, notamment en collaboration avec des partenaires européens dans le cadre du projet Horizon Long Trec.

Enfin, l'intégration de l'Institut de Biologie systémique et synthétique (iSSB) au sein du bâtiment du Genoscope a été une étape cruciale pour renforcer les synergies entre les équipes, en particulier dans le domaine de la biologie synthétique. Des travaux de rénovation ont été réalisés pour accueillir ces équipes, facilitant leur intégration dans l'unité et la poursuite de collaborations fructueuses.

B — DOMAINES D'ÉVALUATION

DOMAINE 1 : PROFIL, RESSOURCES ET ORGANISATION DE L'UNITÉ

Appréciation sur les objectifs scientifiques de l'unité

L'unité est reconnue comme un leader scientifique mondial dans la génomique et les biotechnologies environnementales. Les objectifs reposent sur la mise en œuvre d'un continuum d'expertises pour la production de données (méta)génomiques et leur analyse fonctionnelle, pour l'exploration du métabolisme microbien et la biologie de synthèse, afin d'exploiter l'extraordinaire potentiel du vivant. Les connaissances ainsi accumulées permettent de relever des défis biotechnologiques répondant aux grands enjeux sociétaux, tels que l'ingénierie de souches ou d'enzymes pour la production de molécules d'intérêt à partir de sources de carbone renouvelables (ex. CO₂), ou encore pour la biodégradation de contaminants comme les plastiques et le chlordécone.

Appréciation sur les ressources de l'unité

L'environnement technologique est très favorable avec un accès privilégié aux ressources de séquençage ou aux infrastructures informatiques du Génomoscope. L'unité s'appuie aussi sur des plateformes internes d'analyse des génomes (MicroScope), de criblage enzymatique (FunDivEx) ou d'automates de culture continue pour l'évolution (GM3), et sur un parc de matériel mutualisé. Elle bénéficie par ailleurs d'un budget conséquent (environ 2 M€ par an sauf pendant les années Covid) qu'elle a obtenu grâce notamment aux appels d'offres nationaux qui représentent à eux seuls près de 50 % des ressources propres. L'environnement et les ressources financières de l'unité sont excellents.

Appréciation sur le fonctionnement de l'unité

Le fonctionnement de l'unité est excellent. Elle s'engage pour la parité de genre avec des actions ciblées en recrutement et gouvernance. Elle fonctionne en respectant les démarches de prévention des risques, y compris psychosociaux. L'environnement informatique, sécurisé sous la responsabilité du Génomoscope, garantit la protection des données. L'écoresponsabilité est centrale, avec la généralisation du télétravail et des visioconférences pour réduire l'empreinte carbone, ainsi que des initiatives comme la mise aux normes des infrastructures et une gestion optimisée des déchets.

1/ L'unité s'est assigné des objectifs scientifiques pertinents.

Points forts et possibilités liées au contexte

L'unité se distingue par une approche scientifique multidisciplinaire, combinant génomique, biologie expérimentale, biocatalyse et biologie de synthèse pour explorer la diversité biologique et développer des solutions biotechnologiques durables. Ses recherches sur la génomique fonctionnelle, l'ingénierie métabolique et la biocatalyse visent à répondre aux enjeux environnementaux actuels, tels que le recyclage du plastique, la production de bioénergie et la réduction de l'empreinte carbone. Grâce à des projets comme Tara Oceans et Tara Pacific, l'unité explore des écosystèmes complexes, offrant des perspectives uniques à l'échelle mondiale sur les interactions biologiques et les impacts du changement climatique.

L'unité contribue à l'élargissement de notre compréhension de la diversité biologique, l'exploitation des capacités biocatalytiques pour des applications industrielles durables, et la création de nouvelles voies biochimiques grâce à la biologie de synthèse. Ces objectifs sont en parfaite cohérence avec les priorités des tutelles en matière de durabilité, d'innovation technologique et de transition énergétique.

Les projets transdisciplinaires et les collaborations avec l'industrie renforcent l'impact de la recherche, tout en soutenant la formation de nouvelles générations de chercheurs dans des domaines stratégiques. L'unité répond ainsi aux enjeux sociétaux actuels et contribue aux objectifs nationaux et européens de développement durable et de transition écologique.

Points faibles et risques liés au contexte

Le partenariat industriel représente un support essentiel pour des unités comme GM dont les perspectives de leurs recherches sont des applications potentielles en biotechnologies blanches et vertes. Les relations industrielles restent malgré tout relativement modestes, comme en témoignent les ressources financières limitées qu'elles amènent à l'unité (13 % pour la période).

2/ L'unité dispose de ressources adaptées à son profil d'activités et à son environnement de recherche et les mobilise.

Points forts et possibilités liées au contexte

L'unité a démontré, pendant la période de référence, une excellente capacité à obtenir des financements, en complément des 3,92 M€ récurrents (soit environ 654 k€ par an). Un total de 11,13 M€ a ainsi été sécurisé, représentant en moyenne 1,85 M€ par an, avec une dynamique particulièrement forte après la période Covid. Cette réussite se traduit par 60 projets soutenus financièrement par l'ANR, ainsi que trois équipex et trois PEPR. Depuis 2020, la part des ressources propres (RP) est en constante augmentation, atteignant en 2023 75 % des ressources totales de l'unité (2,26 M€). Bien que la part des financements internationaux et industriels reste encore modeste, elle suit néanmoins cette même dynamique, avec la participation à dix projets H2020 ou Horizon, ce qui est excellent.

Le soutien local du Génopôle est également un atout majeur, offrant divers types de financements : équipement lourd, financement de post-doctorants et stagiaires, soutien à l'installation et aux projets de nouveaux chercheurs (plus de 700 k€), ainsi que des investissements dans la rénovation de bâtiments (1 M€) et équipements associés (~1 M€).

L'unité bénéficie aussi de l'aide de l'université, qui soutient la mobilité des enseignants et doctorants, les projets de recherche, la valorisation des travaux, l'organisation d'évènements et la mise à disposition d'équipements. L'université a également ouvert des postes d'enseignants (1 CPJ et 2 MCF) pendant la période.

Points faibles et risques liés au contexte

Le maintien des plateformes, notamment celles internes à l'unité, nécessite un budget de fonctionnement pérenne ainsi qu'une expertise humaine ; deux éléments qu'il convient de sécuriser. Il est essentiel de formaliser et d'optimiser le mode de financement pour l'accès à ces outils, même en prestation interne, ainsi que les ressources humaines qualifiées qui y sont affectées. La politique RH du CEA, principal pourvoyeur en PAR de l'unité, promeut le principe de mutations vers d'autres sites lors de la promotion du personnel au niveau cadre ; cette obligation de mobilité peut représenter un frein et perte de motivation pour le personnel concerné. Certaines de ces plateformes sont déjà menacées et nécessitent une réflexion approfondie sur leur avenir, telles que les équipements de chimie analytique ou la plateforme « Spatial omics » du LissB ; cette dernière étant pourtant désignée comme un axe technologique majeur pour la stratégie scientifique à venir.

3/ Les pratiques de l'unité sont conformes aux règles et aux directives définies par ses tutelles en matière de gestion des ressources humaines, de sécurité, d'environnement, de protocoles éthiques et de protection des données ainsi que du patrimoine scientifique.

Points forts et possibilités liées au contexte

Des efforts de sensibilisation conséquents ont permis d'atteindre la parité de genre pour le recrutement, mais aussi côté gouvernance, avec un duo mixte à la tête de l'unité et plus de la moitié des équipes dirigées par des femmes. La parité est également imposée lors de divers commissions et jurys et une attention particulière est apportée à la valorisation du travail des femmes.

En termes de sécurité, l'unité s'est engagée dans une démarche de prévention des risques, afin préserver tant l'intégrité physique que psychologique du personnel. La production annuelle du document unique d'évaluation des risques professionnels (Duerp) fait logiquement partie de ces actions et assure la transparence du travail mené en ce sens par l'équipe de direction et les agents de prévention.

Toutes les précautions sont prises vis-à-vis de la sécurité informatique et de la continuité de service, à l'instar des sauvegardes physiques des données, automatisées sur deux sites de surcroît distants. La complexité de toutes ces tâches liées aux infrastructures informatiques (réseau, hardware, software...) justifie pleinement leur déléation à un service expert du Génoscope.

La démarche écoresponsable de l'unité est actée avec la généralisation des visioconférences ainsi que du télétravail, clés importantes pour la diminution de son empreinte carbone, tout comme la priorisation du train au détriment de l'avion. Cela passe aussi par les travaux de rénovation importants réalisés au niveau immobilier, et au quotidien par la sensibilisation à la gestion des déchets, ce qui est excellent.

Points faibles et risques liés au contexte

Au-delà de l'exigence de parité, on constate au contraire une légère féminisation du personnel permanent et doctorant.

DOMAINE 2 : ATTRACTIVITÉ

Appréciation sur l'attractivité de l'unité

L'unité affiche une attractivité exceptionnelle, tant au niveau national qu'au niveau international. Elle participe activement à des congrès scientifiques internationaux, attire des chercheurs étrangers et accueille des doctorants de divers pays. Son impact se reflète dans sa présence au sein de comités éditoriaux prestigieux et de panels d'experts. Elle est également impliquée dans des projets structurants à l'échelle nationale et européenne, consolidant son réseau scientifique et son rôle de leader dans son domaine.

- 1/ *L'unité est attractive par son rayonnement scientifique et s'insère dans l'espace européen de la recherche.*
- 2/ *L'unité est attractive par la qualité de sa politique d'accompagnement des personnels.*
- 3/ *L'unité est attractive par la reconnaissance de ses succès à des appels à projets compétitifs.*
- 4/ *L'unité est attractive par la qualité de ses équipements et de ses compétences techniques.*

Points forts et possibilités liées au contexte pour les quatre références ci-dessus

D2.1 : L'unité a accueilli deux chercheurs étrangers (Autriche (1 mois) et Chine (6 mois)) et quatre doctorants venant des États-Unis (5 mois), du Canada (3 mois) et d'Espagne (4 mois). Ces séjours ont permis le lancement de nouvelles collaborations et la publication de plusieurs travaux scientifiques. 32 thèses ont été soutenues durant la période, et la provenance des 51 doctorants (principalement de villes françaises comme Montpellier, Paris, Lyon, etc.) témoigne de son attractivité nationale.

L'unité est représentée dans les comités éditoriaux de revues de premier plan comme *Environmental Microbiology*, *mSystems*, et *BMC Biotechnology*. L'unité est impliquée dans des structures nationales et internationales importantes, telles que l'Institut français de Bioinformatique, France Génomique, et la Fondation Tara Ocean. Des membres siègent dans des conseils scientifiques internationaux (Swiss Institute of Bioinformatics, le réseau européen de plateformes bio-informatiques, Élixir, etc.) et dans des panels d'experts pour des projets européens. Deux membres sont également nommés dans des instances nationales, comme la section 51 du CoNRS et le CNU 32 de chimie. L'excellence scientifique de l'unité est reconnue, avec plusieurs prix obtenus, y compris par des doctorants, comme le Prix de la Science ouverte et le Prix de l'Académie des Sciences. Deux membres de l'unité ont reçu respectivement les distinctions de Grand Officier et Chevalier de l'Ordre national du Mérite.

D2.2. L'unité a intégré six nouveaux chercheurs (un CNRS, cinq CEA), une CPJ et un poste de MCF. Ces nouveaux chercheurs sont à l'initiative de la création de quatre nouvelles équipes de recherche à compter du prochain mandat (Microbial Genomics and Epigomics (MGE), Micro-Algae Metabolism facing Environmental Perturbations (Mime), Eukaryote-Virus Evolution (EV) et Sysfate). Ils bénéficient des ressources de l'unité et d'un soutien financier pour leurs projets. Les nouveaux doctorants et post-doctorants sont invités à présenter leurs travaux dans des séminaires internes, ce qui facilite leur intégration. L'unité leur offre également des financements pour participer à des conférences internationales.

Le rayonnement de l'unité est attesté par sa participation à l'organisation d'évènements scientifiques importants pour la communauté bio-informatique nationale et internationale tels que ISMB/ECCB ou l'International Symposium on Environmental and Agronomical Genomics et Jobim. Des membres de l'unité ont donné ou ont été associés à 90 et 44 présentations lors de congrès nationaux et internationaux respectivement. De même, ils ont été invités à donner 91 séminaires externes et l'unité a reçu 44 chercheurs extérieurs invités à donner des séminaires à l'unité. Ces éléments démontrent l'attractivité et l'excellent rayonnement de l'unité.

D2.3. L'unité a démontré une exceptionnelle capacité à obtenir des financements sur appels à projets compétitifs. Elle a soumis 96 projets à l'ANR, et a obtenu 60 projets financés, dont dix-sept, en tant que porteur, ce qui est excellent. Toutes les équipes ont obtenu un nombre de projets soutenus par l'ANR de façon

proportionnée à l'équipe avec toutefois un nombre de projets financés particulièrement important pour les équipes Lage, LabGem et LGBM. Elle a également participé à des projets structurants au niveau national et européen, tels que trois projets PIA équipex et trois projets PEPR, B-Best et Spleen comme partenaire et AtlaSea qu'elle coordonne (montant total de 19,65 M€, dont 4,33 M€ pour l'unité). Ces projets structurants permettent un financement sur la durée (5 à 8 ans). L'unité a aussi participé à dix projets européens Horizon 2020 et Horizon Europe, ce qui est excellent. Des partenariats industriels ont été établis pour un total d'environ 2,6 M€, comprenant des projets de R&D et des prestations de service, ce qui est aussi excellent.

L'unité a encadré et encadre 51 thèses pendant cette période (30 soutenues), dont quatre en partenariat avec des entreprises grâce à des dispositifs Cifre. Les autres thèses sont financées principalement par des contrats doctoraux ministériels (25 thèses) et par des programmes locaux du CEA (treize thèses), ce qui est excellent. La durée moyenne des thèses est excellente (39,6 mois), mais sept thèses ont duré plus de 42 mois.

Les nouveaux équipements sont acquis grâce à des dotations récurrentes, et les gros équipements sont financés par des projets PIA, des PEPR, ainsi que par la Genopole d'Évry et l'Université d'Évry.

D2.4. L'unité dispose de ressources de haute qualité, y compris des plateformes mutualisées pour l'annotation des génomes, l'exploration des enzymes, la microbiologie, et la chimie analytique. Elle a accès à des infrastructures de séquençage de pointe grâce au Genoscope, ainsi qu'à des capacités de calcul et de stockage de données hautes performances. Ces équipements permettent à l'unité de mener des recherches à la pointe de la technologie.

L'unité fait partie du réseau Ibisba France pour la biologie synthétique et les biotechnologies, et sera prochainement intégrée au réseau Ibisba Europe. Parmi les plateformes de l'unité, on trouve la plateforme de culture en continu et d'évolution dirigée GM3, co-détenue par le CEA et Altar, ainsi que la plateforme FunDivEx, qui attestent de l'excellence de l'unité et de son ouverture à la communauté scientifique internationale.

L'unité est particulièrement reconnue internationalement pour ses travaux dans l'annotation des génomes. La plateforme MicroScope, développée par le LabGem, est largement utilisée à la fois en France et à l'international (65 % des 7 000 utilisateurs proviennent de l'étranger), et a reçu 2 300 demandes de service durant la période. Cette plateforme est un élément clé de l'infrastructure de l'unité, et son succès souligne l'expertise de l'unité dans ce domaine.

Points faibles et risques liés au contexte pour les quatre références ci-dessus

D2.1. L'implication dans l'organisation d'évènements internationaux ou dans les sociétés savantes internationales et revues internationales reste limitée.

D2.2. L'accueil de chercheurs étrangers seniors (deux sur la période) pour des séjours courts ou longs est peu développé. Un autre défi identifié réside dans le manque d'interactions et de communication efficace au sein des équipes de recherche et entre les différentes équipes travaillant sur des thématiques similaires. Les chercheurs non permanents, en particulier, ressentent un manque de reconnaissance et de retour sur leurs travaux. De plus, la fréquence et l'efficacité des réunions sont inégales, limitant ainsi les synergies et les échanges de connaissances nécessaires pour des collaborations encore plus efficaces et réussies.

D2.3. L'unité n'est impliquée dans aucun projet international hors UE. L'unité n'a porté ou ne porte aucun projet H2020 ou Horizon (malgré un excellent niveau de participation à ce type de projet) et peu de thèses sont actuellement effectuées en co-tutelle avec l'étranger (3/51). On note aussi l'absence de financements de type ERC ce qui est surprenant vu la qualité des recherches développées.

D2.4. Le niveau de qualité des plateformes et la bonne maintenance des équipements sur le long terme dépendent de la présence de personnels permanents compétents et de l'obtention de financements récurrents importants, ce qui n'est pas toujours le cas (plateforme de « Spatial omics » du LissB ou équipements de chimie analytique).

DOMAINE 3 : PRODUCTION SCIENTIFIQUE

Appréciation sur la production scientifique de l'unité

L'unité montre une production scientifique de qualité excellente, à la fois abondante et interdisciplinaire, avec de fortes collaborations internes et externes, une bonne implication des jeunes chercheurs, et un engagement marqué en faveur de la science ouverte. Toutefois, les déséquilibres dans la production scientifique entre équipes ou groupes thématiques sont importants avec des entités peu visibles. Un renforcement dans le domaine de la bio-informatique et une meilleure reconnaissance d'axes spécifiques constituent des axes d'amélioration pour renforcer encore la visibilité et l'impact de l'unité.

- 1/ La production scientifique de l'unité satisfait à des critères de qualité.*
- 2/ La production scientifique de l'unité est proportionnée à son potentiel de recherche et correctement répartie entre ses personnels.*
- 3/ La production scientifique de l'unité respecte les principes de l'intégrité scientifique, de l'éthique et de la science ouverte. Elle est conforme aux directives applicables dans ce domaine.*

Points forts et possibilités liées au contexte pour les trois références ci-dessus

3.1. La production scientifique de l'unité est excellente. Au cours de la période, l'unité a publié 409 articles dans des revues à comité de lecture, en augmentation par rapport à la période précédente (301), ce qui correspond à une très bonne production scientifique (1,8 article/ETP/an). Le taux de portage est bon (30 %). La diversité de publications, tant en termes de journal que de sujet, reflète tant la richesse des recherches théoriques et méthodologiques menées au sein de l'unité que son positionnement stratégique unique dans le paysage de la recherche nationale. Sur le plan qualitatif, la production est exceptionnelle avec plusieurs publications dans des revues prestigieuses, telles que Nature (x6), Science (x8), Cell (x3), Proceedings of the national Academy of Sciences USA (x8), Nature Communications (x24), ainsi que dans des journaux de référence en biologie, bio-informatique, biochimie, et biologie de synthèse, comme Nature Climate Change (x1), Nature Microbiology (x5), Nature Genetics (x3), Molecular Biology and Evolution (x5), Nature Plants (x4), Environmental Science and Technology (x3), PLoS Computational Biology (x2) Briefings in Bioinformatics (x2), Bioinformatics (x2), et Communications Biology (x5). Ces publications proviennent principalement de collaborations de l'unité et avec des partenaires externes, notamment dans le domaine du traitement de grandes quantités de données et du développement d'outils bio-informatiques. Elles comportent généralement un très grand nombre d'auteurs. Elles reflètent en partie l'adossement particulier de l'unité à une structure de génération de données à haut débit et au développement d'outils bio-informatiques.

3.2. Les équipes contribuent de manière significative à la dissémination des résultats, avec environ cinq publications par ETP pour les équipes Lage, LabGem et LBGB, et environ trois publications par ETP pour l'équipe LissB. Un dynamisme collaboratif marqué entre des équipes se traduit par plus de 106 publications co-écrites, représentant 26 % du total des publications, ce qui est excellent. Cela témoigne de fortes synergies internes, plus particulièrement avec l'équipe Lage qui est impliquée dans 60 % de ces publications. Par ailleurs, 23 % des publications sont co-écrites avec des doctorants, ce qui souligne l'implication active des jeunes chercheurs dans la production scientifique.

3.3. L'unité applique des pratiques rigoureuses pour garantir l'accès aux données et la reproductibilité des résultats, suivant les principes de la science ouverte. Cela inclut l'utilisation de cahiers de laboratoire, le stockage des données sur des serveurs dédiés, la gestion des versions de code grâce à GIT, et la diffusion des données dans des bases publiques comme Ena ou Zenodo. La majorité des publications sont en libre accès, et l'unité a obtenu le prix « Science ouverte » pour le logiciel PPanGGolin. Elle participe également à l'initiative « EnzymeML », visant à standardiser la diffusion des résultats d'activité enzymatique.

Points faibles et risques liés au contexte pour les trois références ci-dessus

3.1 De nombreuses publications comportent un très grand nombre d'auteurs. Cela reflète en partie l'intégration spécifique de l'unité à une structure dédiée à la génération de données à haut débit et au développement

d'outils bio-informatiques. Toutefois, ces publications ne correspondent pas toutes à des projets initiés directement par l'unité.

3.2 Il existe une disparité importante de production entre les équipes fortement impliquées dans les analyses et le développement bio-informatiques (LabGem, Lage, LBGB) et les équipes expérimentales. Les équipes bio-informatiques, qui sont impliquées dans des projets collaboratifs de grande envergure, publient beaucoup plus que les équipes expérimentales. Ceci est certainement structurel et inévitable et montre la limite des comparaisons bibliographiques en fonction des thématiques et des temps propres à chaque type de recherche. Cette situation pose cependant la question de ré-équilibrer les ressources et les priorités de recherche entre ces deux types d'équipes. En particulier, la production des équipes expérimentales semble moins visible dans les publications.

3.3 Pas de points faibles identifiés pour ce critère.

DOMAINE 4 : INSCRIPTION DES ACTIVITÉS DE RECHERCHE DANS LA SOCIÉTÉ

Appréciation sur l'inscription des activités de recherche de l'unité dans la société

L'unité excelle dans ses interactions avec le monde industriel et la société. Elle établit des partenariats significatifs avec des entreprises comme Essilor, GRDF ou Michelin, répondant à des défis sociétaux tels que la crise de biodiversité et la pollution. Ses recherches, notamment sur la dégradation des polluants (le chlordécone et les microplastiques en milieu marin) apportent des solutions innovantes à des problèmes environnementaux critiques. L'unité est également proactive dans la valorisation de ses découvertes, avec six brevets soumis et une forte présence médiatique.

- 1/ L'unité se distingue par la qualité et la quantité de ses interactions avec le monde non académique.*
- 2/ L'unité développe des produits à destination du monde culturel, économique et social.*
- 3/ L'unité partage ses connaissances avec le grand public et intervient dans des débats de société.*

Points forts et possibilités liées au contexte pour les trois références ci-dessus

1. Les activités de l'unité sont en phase avec la demande sociétale dans le sens où elle s'intéresse à la description de la biodiversité, en particulier marine, et où elle contribue à identifier les causes de son érosion. L'unité s'implique également dans la recherche de solutions de bioremédiation de milieu pollué, du retraitement de matériau ou à la production de précurseurs utilisables pour diverses applications, mais elle interagit peu avec le monde non académique, que ce soit pour des expertises ou en appui aux politiques publiques. On peut toutefois noter la participation à des auditions auprès des instances politiques (Sénat, assemblée nationale) à propos du chlordécone ou du paraquat ; deux pesticides, ou en tant qu'expert au sein du comité de pilotage scientifique national (CPSN) du plan chlordecone4.

2. L'unité a établi des partenariats fructueux avec des leaders industriels, offrant des solutions innovantes en biocatalyse et fermentation de biomasse. Ces projets portaient souvent sur le développement de solutions innovantes en biocatalyse utilisant des communautés microbiennes pour la bioremédiation et/ou le retraitement ou la valorisation de matériau comme avec Essilor (recyclage de polymères), Michelin (biodégradation des élastomères) ou GRDF (prétraitement microbien de la biomasse pour la production de biométhane). Au-delà des travaux portant sur la biodégradation du chlordécone, l'unité s'est engagée dans le développement de méthodes innovantes de détection du chlordécone qui ont fait l'objet du dépôt d'un brevet (Patent n° : EP23172433. 2023). D'autres projets ont permis de développer des solutions de biocontrôle comme Mopad financé par la Banque Publique d'Investissement (BPI) avec Biovitis et Limagrain comme principaux partenaires industriels et dont l'objectif pour identifier des solutions de biocontrôle contre la fusariose du blé (Microorganisms 2020) et DieteticC financé par le Groupement national interprofessionnel des semences et plantes avec Genective et Protéus comme principaux partenaires industriels pour identifier l'activité insecticide microbienne contre les larves de chrysomèle des racines du maïs et ayant conduit à un brevet (Patent n° : WO2020183022A1 2020) et une publication (Plos One 2023).

Ces projets ont permis d'abonder le budget de l'unité à hauteur de 2,6 M€ sur la période évaluée et a impliqué toutes les équipes de l'unité ; l'équipe Lage étant toutefois significativement moins impliquée dans ce type d'activité. L'unité a également bénéficié de quatre dispositifs Cifre (avec les entreprises New England Biolabs, Galapagos, Hybrigenics, Essilor Luxottica). Par ailleurs, après des années de négociations, le CEA a signé un accord avec Altar/Ginkgo bioworks pour l'utilisation des automates GM3 (technologie Genemat) utilisé pour mettre en place des programmes d'évolution dirigée de souches microbiennes pour développer de nouvelles voies métaboliques. La valorisation des recherches de l'unité est également un point fort, avec six brevets déposés (dont 4 impliquant LGMB, 2 impliquant LabGeM, les autres équipes impliquées étant L2BMS et LissB). Cet engagement dans la protection de la propriété intellectuelle montre une forte capacité à traduire la recherche fondamentale en innovations concrètes.

3. L'unité se distingue aussi par son implication dans la communication scientifique, à travers des projets comme Tara Oceans et de multiples interventions médiatiques (radiophoniques et télévisées) notamment autour du sujet du chlrodécone. Ces actions soulignent son rôle actif dans le débat public et l'éducation sur des enjeux environnementaux cruciaux.

Points faibles et risques liés au contexte pour les trois références ci-dessus

La participation de l'unité au débat public et à l'appui aux politiques publiques paraît assez limitée.

La communication et la diffusion des produits issus de la recherche pourraient être améliorées, notamment pour attirer davantage de partenariats industriels. Bien que l'unité ait établi des partenariats, il existe un potentiel inexploité pour accroître les collaborations avec l'industrie et les biotechs.

L'unité manque de ressources pour maintenir et mettre à jour le site web de l'unité. Ce déficit de soutien et de temps limite sa capacité à communiquer efficacement les résultats de recherche et les activités de l'unité au public et aux partenaires potentiels.

ANALYSE DE LA TRAJECTOIRE DE L'UNITÉ

Depuis sa création en 2000 sous le nom de «Structure et Évolution des génomes», l'unité GM a connu une évolution significative. Initialement focalisée sur le séquençage et l'analyse des génomes, elle a élargi ses activités pour inclure l'exploration des métabolismes bactériens et la biologie systémique. Cette réorientation s'explique par les limitations des analyses génomiques seules pour fournir une compréhension biologique approfondie. Aujourd'hui, l'unité se distingue par son approche intégrée qui allie génomique, métabolisme, et biologie de synthèse.

L'Institut de Biologie synthétique et systémique (iSSB) a été intégré à l'unité en 2017, mais n'a physiquement rejoint ses locaux principaux qu'en 2022, renforçant ainsi la collaboration interne et les synergies entre les équipes. Cette intégration a permis de mieux coordonner les projets transdisciplinaires et de renforcer les interactions entre les équipes de recherche. Le passage à une structure plus intégrée et collaborative est un point fort pour l'unité.

Les objectifs de début de période, axés sur l'extension des connaissances en génomique et en métabolisme, ont été largement atteints. L'unité a développé des approches multi-omiques pour l'étude des bactéries et des protistes, en mettant l'accent sur les effets du changement climatique sur les populations microbiennes. L'introduction de nouveaux modèles eucaryotes et l'élargissement des recherches à des écosystèmes variés montrent une volonté de se positionner comme leader dans l'étude des métabolismes complexes et des interactions écologiques.

Les réussites incluent l'extension de la recherche en chimie écologique, avec des projets tels que le développement de biocatalyseurs pour des applications industrielles et la dégradation des plastiques. Ces efforts répondent aux enjeux environnementaux actuels et renforcent la pertinence des recherches de GM dans le contexte mondial.

Pour les cinq prochaines années, l'unité envisage de renforcer ses programmes de recherche en intégrant davantage d'applications basées sur l'intelligence artificielle dans ses équipes de bio-informatique, de développer davantage les applications biotechnologiques en chimie environnementale, et de promouvoir les initiatives en biologie de synthèse. L'unité prévoit également de recruter de nouveaux chercheurs pour équilibrer les disciplines et soutenir les nouvelles thématiques émergentes.

La future organisation de l'unité, avec la création de nouvelles équipes basées sur les thématiques actuelles et émergentes, devrait permettre une meilleure spécialisation et une plus grande cohérence dans les projets de recherche. La direction actuelle, avec ses expertises complémentaires en génomique et métabolisme, est bien positionnée pour guider cette transition. La trajectoire de l'unité est donc évaluée comme excellente.

RECOMMANDATIONS À L'UNITÉ

Recommandations concernant le domaine 1 : Profil, ressources et organisation de l'unité

Le recrutement de chercheurs doit être ciblé pour combler si nécessaire les départs à la retraite et/ou répondre aux nouvelles thématiques émergentes, notamment la biologie de synthèse, l'intelligence artificielle en bio-informatique, et les biotechnologies environnementales. Une ouverture sur le recrutement de responsables d'équipe et de chercheurs internationaux devrait être considérée.

En matière de développement du personnel, aucun des douze IR n'est titulaire de l'HDR, ce qui limite potentiellement l'accueil de doctorants. Il est recommandé d'encourager les IR et CR/MCF à obtenir leur HDR pour renforcer le potentiel d'encadrement et la force de recherche de l'unité.

L'unité doit garantir le maintien et la transmission des compétences clés, notamment pour les plateaux analytiques et les automates de culture continue pour l'évolution (GM3), à travers la formation continue, la veille technologique, la gestion de la relève et l'entretien des infrastructures stratégiques.

L'intensification des collaborations industrielles est essentielle. L'unité doit adopter une approche plus proactive pour attirer des partenaires industriels en valorisant ses compétences. Ces collaborations permettront d'identifier plus efficacement les verrous scientifiques à lever, tout en facilitant l'accès à des financements.

Les nouvelles infrastructures doivent être pleinement exploitées pour renforcer les synergies entre équipes. Un suivi régulier de leur utilisation et de leurs performances permettra d'ajuster leur déploiement et d'optimiser les projets en cours.

Enfin, le système de financement interne, notamment les prélèvements sur projets, pourrait être ajusté pour renforcer la pérennité du financement des projets scientifiques prioritaires. Une enveloppe dédiée à la R&D collaborative (inter-équipes et interdisciplinaires) permettrait de générer des « preuves de concept » et de favoriser la participation à des appels d'offres plus ambitieux.

Recommandations concernant le domaine 2 : Attractivité

Pour attirer des chercheurs talentueux, il est essentiel de mettre en place des programmes de recrutement ciblés. Cela inclut la création de postes attractifs pour des chercheurs reconnus, ainsi que des offres pour de jeunes talents prometteurs. Les programmes de soutien à la mobilité internationale, comme les bourses et les subventions (incluant les financements ERC), peuvent également jouer un rôle important en facilitant l'arrivée de chercheurs de divers horizons.

Une amélioration de la communication en anglais contribuera à attirer et retenir les talents.

Finalement, l'unité doit élargir ses activités et collaborations internationales en portant des projets européens et en renforçant sa participation à des projets de recherche internationaux hors Europe, en établissant des accords de coopération avec des laboratoires étrangers, et en accueillant des chercheurs internationaux en visite. De telles actions sont autant de moyens pour augmenter la visibilité et l'attractivité de l'unité. L'unité est particulièrement encouragée à porter des projets européens pour renforcer son leadership.

Recommandations concernant le domaine 3 : Production scientifique

Il est recommandé, au travers du pilotage scientifique, de renforcer l'équilibre entre les équipes et les thématiques. La valeur ajoutée et la viabilité de certains axes doivent être questionnées. Par ailleurs, des collaborations plus nombreuses entre les équipes expérimentales et bioinformatiques pourraient renforcer les premières. Bien que les équipes de bio-informatique génèrent une part importante des publications, il est crucial d'intégrer davantage les équipes expérimentales dans des projets collaboratifs afin de promouvoir des recherches interdisciplinaires.

Il est aussi recommandé d'améliorer l'accompagnement et la gestion des données scientifiques, notamment en renforçant les infrastructures de gestion des données (comme les bases de données publiques et les logiciels open source). Cela facilitera non seulement l'accessibilité aux données, mais aussi la collaboration avec d'autres unités de recherche et partenaires industriels, contribuant ainsi à une production scientifique plus large et plus diversifiée.

Recommandations concernant le domaine 4 : Inscription des activités de recherche dans la société

Il est crucial d'optimiser la communication scientifique et la gestion des ressources. Le site web de l'unité est sous-exploité, ce qui limite sa visibilité et l'impact de ses recherches. Pour remédier à cette situation, il serait pertinent de créer une structure dédiée à la communication scientifique.

Le laboratoire dispose d'une grande diversité de thématiques de recherche. Toutefois, il est à noter que seules certaines de ces thématiques (c.à.d. dégradation des polluants) sont régulièrement mises en avant. Il serait bénéfique de communiquer davantage sur les autres domaines de recherches (ex. projets de biologie de synthèse autour de la valorisation du CO₂ et de ses dérivés) afin de renforcer la visibilité globale du laboratoire et de maximiser son impact dans l'ensemble de ses thématiques.

ÉVALUATION PAR ÉQUIPE OU PAR THÈME

Équipe 1 : LabGem

Nom du responsable : M. David Vallenet

THÉMATIQUES DE L'ÉQUIPE

LabGem est une équipe de bio-informatique spécialisée dans la génomique des procaryotes. Elle développe des méthodes innovantes et propose des services de bioanalyse pour explorer la diversité microbienne et le métabolisme dans une grande variété d'écosystèmes. Les travaux de l'équipe contribuent directement à des avancées dans les domaines médical et biotechnologique.

PRISE EN COMPTE DES RECOMMANDATIONS DU PRÉCÉDENT RAPPORT

En réponse aux suggestions du précédent rapport Hcéres sur la visibilité et l'impact des projets, l'équipe a considérablement renforcé sa présence sur la scène internationale. La plateforme MicroScope, déjà reconnue, a vu une augmentation significative du nombre d'utilisateurs internationaux, avec 65 % des comptes venant de l'étranger. De plus, l'équipe a élargi son réseau de collaborations internationales, comme en témoigne sa participation au projet européen Horizon Europe Blueremediomics, impliquant des équipes de recherche de douze pays différents.

Concernant les recommandations sur la stratégie scientifique, l'équipe LabGem a continué à développer des outils innovants, tels que le logiciel PPanGGolin pour l'analyse des pan-génomomes, qui a reçu une reconnaissance croissante dans la communauté scientifique. L'équipe a aussi publié 68 articles, dont une partie significative en collaboration avec des laboratoires internationaux, répondant ainsi à la recommandation de renforcer l'impact global de ses recherches.

EFFECTIFS DE L'ÉQUIPE : EN PERSONNES PHYSIQUES AU 31/12/2023

Catégories de personnel	Effectifs
Professeurs et assimilés	0
Maitres de conférences et assimilés	1
Directeurs de recherche et assimilés	2
Chargés de recherche et assimilés	3
Personnels d'appui à la recherche	4
Sous-total personnels permanents en activité	10
Enseignants-chercheurs et chercheurs non permanents et assimilés	0
Personnels d'appui non permanents	3
Post-doctorants	1
Doctorants	2
Sous-total personnels non permanents en activité	6
Total personnels	16

ÉVALUATION

Appréciation générale sur l'équipe

L'activité scientifique de LabGem est excellente ; à l'interface entre la bio-informatique spécialisée dans la génomique des procaryotes, l'exploration de la diversité microbienne et le développement d'approche biotechnologiques innovantes. Les outils que l'équipe a développés, tels que la plateforme MicroScope et le programme PPanGGolin, sont très utilisés par la communauté scientifique mondiale et l'équipe est bien positionnée pour relever les défis technologiques associés à l'évolution de ses outils et de ses plateformes. Les projets en cours et à venir s'appuient sur une solide base de collaborations et de développements méthodologiques, visant à renforcer la position de l'équipe dans le domaine des études génomiques et métagénomiques. Le succès de ces initiatives dépendra de la gestion efficace des ressources, de l'innovation continue et du maintien de collaborations stratégiques.

Points forts et possibilités liées au contexte

L'équipe LabGem a renforcé son attractivité et sa reconnaissance au cours de la période étudiée, notamment grâce à ses succès dans les appels à projets et son recrutement dynamique de personnel non permanent. Bien que le laboratoire ait perdu deux chercheurs permanents du CEA et un ingénieur de recherche CNRS, l'effectif permanent est resté stable. L'arrivée de deux nouveaux C/EC (dont une CPJ) et une forte augmentation du personnel non permanent (3 post-doctorants, 12 ingénieurs, 5 doctorants, dont 2 en co-supervision, et 14 stagiaires) ont enrichi l'équipe.

Sur le plan financier, l'équipe a obtenu des financements pour sept projets ANR PRC, dont le projet ANR MTB-CPR en portage (186 k€), ainsi qu'un projet Horizon Europe, Blueremediomics (309 k€ en tant que partenaire) et le projet fédératif PPR Antibiorésistance Abromics en tant que porteur (2 M€, 45 équipes impliquées). D'autres projets ont également contribué à soutenir les activités du laboratoire. La plateforme MicroScope, qui a récemment fêté ses 20 ans, compte plus de 7 000 utilisateurs, dont 65 % à l'international. Elle bénéficie de financements comme le PIA Equipex Mudis4LS (767 k€ jusqu'en 2029) et génère environ 600 k€ sur la période grâce à des services contractuels et des collaborations industrielles.

Concernant la production scientifique, l'équipe a publié 88 articles dans des revues à comité de lecture, ce qui correspond à une productivité excellente de 3,25 articles par ETP/an. Les publications de l'équipe mettent en lumière des avancées majeures en génomique, biologie évolutive et microbiologie dans des revues généralistes à large audience comme Proceedings of the National Academy of Sciences USA (x1), Nature Communications (x4), Nature Microbiology (x1). En particulier, les publications explorent des thématiques variées, telles que les transferts horizontaux de gènes, la symbiose et l'adaptation bactérienne, le développement d'outils bio-informatiques pour l'analyse fonctionnelle et métabolique, ainsi que l'étude de la résistance antimicrobienne. Environ 25 % des publications sont portées par les membres de l'équipe ce qui est très bien. Parmi les publications marquantes, on peut citer l'étude novatrice qui a révélé que les virus géants codent pour des protéines apparentées à l'actine, mettant en lumière des interactions inédites entre ces entités complexes et leurs hôtes (Molecular Biology and Evolution, 2022). Le développement de la plateforme MicroScope a révolutionné l'annotation et l'exploration des fonctions géniques microbiennes, permettant des analyses comparatives génomiques, pangénomiques et métaboliques à grande échelle (Nucleic Acids Research, 2019). Enfin, l'outil PPanGGolin a apporté une représentation innovante de la diversité microbienne grâce à un graphe de pangénome partitionné, offrant de nouvelles perspectives pour l'étude des génomes bactériens (PLoS Computational Biology, 2020).

L'équipe a également renforcé son rayonnement en organisant deux journées scientifiques et en obtenant le prix « Open Science » du ministère de l'Enseignement supérieur et de la Recherche pour le logiciel PPanGGolin ; un outil utilisé pour la génomique comparée et la bioanalyse. Ce prix témoigne de la reconnaissance de l'excellence du laboratoire et de ses contributions dans le domaine de la génomique microbienne et de la bioanalyse. De plus, l'impact des outils développés, tels que la plateforme MicroScope et le programme PPanGGolin, se reflète dans leur large adoption et leur grand nombre de citations dans la communauté scientifique mondiale, ce qui est excellent.

Points faibles et risques liés au contexte

Malgré les réussites en termes de recrutement, l'équipe rencontre des difficultés spécifiques à trouver des personnes avec les compétences de technologies de l'information nécessaires pour remplacer un ingénieur de recherche clé. Cela pourrait affecter la maintenance et le développement de la plateforme MicroScope et d'autres projets. Bien que la plateforme MicroScope ait reçu un financement important, son maintien et son

développement nécessitent des ressources humaines et techniques constantes. Le manque de personnel qualifié pour gérer les aspects techniques pourrait compromettre sa performance et sa disponibilité.

Le turnover élevé parmi le personnel non permanent pourrait entraîner une perte de continuité et de savoir-faire précieux.

Analyse de la trajectoire de l'équipe

La trajectoire scientifique de l'équipe LabGem est excellente et extrêmement pertinente dans le domaine de la bio-informatique appliquée à la génomique et au métabolisme procaryote. Au cours des cinq prochaines années, l'équipe se distingue par une stratégie équilibrée entre innovation technologique et exploration fondamentale. Le développement continu et l'optimisation de la plateforme MicroScope, notamment avec l'intégration des méthodes pangénomiques de PPanGGolin et la mise à jour des modèles de données, renforcent son rôle central pour les analyses comparatives des pangénomes.

Pour répondre aux défis posés par les limitations actuelles en termes de stockage et de modèle de données, l'équipe prévoit une mise à jour significative de la plateforme. Cette mise à jour inclura l'intégration des méthodes pangénomiques développées pour PPanGGolin, visant à renforcer les capacités d'analyse comparative et à actualiser le modèle de données pour soutenir ces nouvelles représentations.

Parallèlement, l'équipe poursuivra l'exploration des communautés microbiennes à l'aide de méthodes métagénomiques, en mettant l'accent sur les interactions métaboliques et les fonctions enzymatiques. Les méthodes d'analyse des familles d'enzymes seront affinées, tirant parti des dernières avancées en prédiction structurale et en apprentissage profond pour identifier de nouvelles fonctions enzymatiques et voies métaboliques.

Les efforts de l'équipe viseront ainsi à enrichir les outils open source, tels que PPanGGolin et Panorama, et à développer la base de données PanGBank pour améliorer les analyses et les comparaisons à grande échelle. La création de PanGBank avec des releases au même rythme que celles de la base de données Genome Taxonomy Database permettra de populariser l'utilisation des pan-génomes (et des outils développés par LabGem) en mettant à disposition des pan-génomes déjà calculés, notamment grâce à des interfaces web à l'usage des biologistes, ce qui a déjà fait le succès de la plateforme MicroScope.

RECOMMANDATIONS À L'ÉQUIPE

En raison des limitations actuelles en termes de stockage et de modèle de données, la mise à jour de la plateforme MicroScope doit être une priorité.

En parallèle, il est important de perfectionner les méthodes d'analyse des pangénomes. Les avancées récentes en prédiction de structures et en apprentissage profond devraient être exploitées pour améliorer l'identification des fonctions enzymatiques et des voies métaboliques.

Le développement de la base de données PangBank doit progresser rapidement. Il est essentiel de garantir que cette base de données soit régulièrement mise à jour et qu'elle soit facilement accessible et inter-opérable avec les ressources et outils existants, comme le Genome Taxonomy Database. Cette approche facilitera l'utilisation des pangénomes disponibles pour les analyses.

L'analyse des communautés microbiennes, en particulier dans les environnements marins et aquatiques, doit être approfondie. En se concentrant sur les interactions métaboliques et en utilisant des méthodes avancées, l'équipe pourra obtenir une compréhension plus fine des fonctions enzymatiques et des interactions écologiques, contribuant ainsi à des découvertes significatives dans le domaine de la métagénomique.

Équipe 2 : Lage
 Nom du responsable : M. Patrick Wincker

THÉMATIQUES DE L'ÉQUIPE

L'équipe Lage (Laboratoire d'analyses génomiques des eucaryotes) se concentre sur la génomique environnementale des eucaryotes, en utilisant la métagénomique, la métatranscriptomique et le séquençage de cellules uniques. Ses objectifs incluent l'identification des contenus génétiques des organismes clés, leur fonction, et leur dynamique évolutive dans des environnements variés. L'équipe a d'abord dirigé les études génomiques du plancton eucaryote dans le cadre du consortium Tara Océan, et a élargi son travail aux bactéries, virus, et organismes des récifs coralliens. L'équipe explore la biogéographie, l'impact du changement climatique, et l'acclimatation des organismes, tout en découvrant de nouvelles lignées virales et en étudiant leur relation avec le plancton eucaryote.

PRISE EN COMPTE DES RECOMMANDATIONS DU PRÉCÉDENT RAPPORT

En réponse aux recommandations du précédent rapport Hcéres, l'équipe Lage a augmenté ses interactions avec la société en participant à davantage d'évènements de communication. L'équipe a également réalisé davantage de formations de masters et doctorants. Des collaborations ont été recherchées pour intégrer les données génomiques dans la modélisation et dans des cadres écologiques. Un des projets mentionnés dans les recommandations (projet gène orphelin) a également été réorganisé pour répondre aux commentaires conduisant à davantage d'interactions avec les laboratoires de biochimie de l'unité (recherche de subventions communes, proposition de nouveaux projets de recherche basés sur le modèle d'algue cultivée *Pelagomonas*). Cependant, il n'y a pas eu d'augmentation des collaborations avec l'industrie, action suggérée dans le rapport précédent.

EFFECTIFS DE L'ÉQUIPE : EN PERSONNES PHYSIQUES AU 31/12/2023

Catégories de personnel	Effectifs
Professeurs et assimilés	0
Maitres de conférences et assimilés	0
Directeurs de recherche et assimilés	4
Chargés de recherche et assimilés	6
Personnels d'appui à la recherche	6
Sous-total personnels permanents en activité	16
Enseignants-chercheurs et chercheurs non permanents et assimilés	0
Personnels d'appui non permanents	1
Post-doctorants	1
Doctorants	7
Sous-total personnels non permanents en activité	9
Total personnels	25

ÉVALUATION

Appréciation générale sur l'équipe

L'équipe Lage est une équipe centrale de l'unité, de renommée mondiale, qui se focalise sur la génomique des procaryotes et eucaryotes environnementaux en utilisant à la fois des approches basées sur la métagénomique et la métatranscriptomique ainsi que sur le séquençage de cellules individuelles. Globalement, l'équipe a une production scientifique exceptionnelle avec 165 publications sur la période (2,75 publications/ETP/an). L'équipe a aussi développé des liens avec la société par exemple 19 interviews dans des médias généralistes. L'équipe a su développer son implication dans les formations aux niveaux Master et Doctorat. Elle a aussi étendu son expertise pour inclure les données obtenues dans des modèles plus complexes comme ceux prenant en compte les changements climatiques. Cependant, ses liens avec l'industrie restent limités et mériteraient d'être développés. L'équipe Lage brille par la qualité de ses productions telle que la caractérisation d'une nouvelle famille de virus océaniques qui établit un lien évolutif entre les virus géants et les virus de l'herpès pathogènes chez l'homme (Nature 2023). Dans le nouveau projet d'unité, la trajectoire de l'équipe Lage est un essaimage en quatre équipes indépendantes qui développeront des thématiques propres, renforçant leur visibilité.

Points forts et possibilités liées au contexte

L'équipe Lage est bien placée dans une niche qui bénéficie de ses accès à des technologies de pointe et des liens donnant accès à des collections biologiques uniques. Ceci lui a permis une production scientifique exceptionnelle avec 165 publications sur la période (2,75 publications/ETP/an). Sur le plan des publications, outre le nombre de publications et la forte visibilité de certains articles, un point fort de l'équipe Lage est son implication centrale dans des publications collaboratives de l'unité. L'association de l'équipe Lage avec la ressource unique du projet Tara Océans lui a ainsi permis d'analyser et de modéliser l'évolution du plancton en lien avec le réchauffement climatique en fonction des régions biogéographiques (Nature Climate Change), un résultat à impact fort et de portée interdisciplinaire. D'autres analyses de ces ressources ont permis de décrypter la complexité et la diversité des génomes du plancton eucaryote, et de définir un lien manquant dans l'évolution des virus de la famille de l'herpès pathogènes chez l'homme (Nature). En parallèle, l'analyse des coraux a permis d'évaluer l'acclimatation de ces organismes aux changements climatiques (Nature Communications [x3]). L'ensemble de ces travaux à un fort impact et procure une grande visibilité à l'unité.

Outre les publications, l'équipe est visible aux niveaux national et international. Ainsi trois membres de l'équipe ont été récompensés par des prix de l'Académie Nationale des Sciences. Au niveau international en l'absence de visiteurs internationaux on relèvera la participation des membres de l'équipe Lage à dix comités d'organisation de colloques internationaux,

Sur le plan financier, l'équipe Lage a été proactive et a obtenu 4,4 millions d'Euros entre 2018 et 2023, ce qui est excellent. L'équipe a entre autres été impliquée dans trois contrats européens, un EquipEx, un PEPR et treize projets soutenus par l'ANR dont deux portés par l'équipe (PelagoAdapt, 246 k€ et VirEuKaGen, 233 k€). Une ressource supplémentaire scientifique et un support non numéraire sont venus de l'association avec Tara Océan qui a en sus une portée emblématique. Cette association a ainsi servi de levier pour financer une partie des besoins informatiques par l'intermédiaire des financements PIA Oceanomics et EquipEx AO-EMBRC et de sécuriser de futurs besoins dans le programme PEPR AtlaSea.

Outre les publications scientifiques mentionnées ci-dessus, les chercheurs et ingénieurs de l'équipe participent activement à la diffusion de leurs travaux auprès du grand public. Ceci s'est concrétisé par exemple par dix-neuf interviews dans des médias généralistes, dont France Culture, Le Monde, Euronews et France Info. Les membres de l'équipe ont aussi participé à quatorze événements publics, dont certains sur des sites internationaux où les expéditions Tara ont organisé des conférences pour le grand public (Congo, Tahiti, Irlande) en plus d'interventions fréquentes en métropole.

Points faibles et risques liés au contexte

Une partie des activités de l'équipe repose sur l'accès à des échantillons biologiques uniques, ce qui représente un risque de perdre un avantage compétitif important.

Par ailleurs, les travaux de l'équipe restent en grande partie descriptifs, ce qui ne favorise pas leur valorisation avec des partenaires socio-économiques, les liens de l'équipe avec l'industrie restent limités.

Analyse de la trajectoire de l'équipe

Les évolutions proposées par l'équipe Lage, incluant le bourgeonnement de plusieurs thématiques pour former de nouvelles équipes, sont judicieuses. L'équipe va être réorganisée et changer d'acronyme pour devenir OekSyGen. Quatre axes de recherches vont être développés : (i) l'analyse des symbioses et du parasitisme dans les écosystèmes marins ; (ii) l'analyse du métabolisme, basé sur la génomique, au niveau des écosystèmes marins ; (iii) l'intégration de la génomique et des analyses climatiques et de manière plus préliminaire ; (iv) le développement de méthodes de biologie moléculaire pour la génomique environnementale. Ces évolutions sont clairement explicitées et certaines ouvrent de nouvelles perspectives comme l'étude des liens entre la génomique environnementale et les changements climatiques. Comme proposé pour certains axes, il va devenir important de dépasser les analyses descriptives et d'utiliser des modèles expérimentaux pour générer des données fonctionnelles. Il serait important que ces évolutions favorisent le développement de relations avec le tissu industriel qui, malgré des quantités de données considérables, restent actuellement très limitées. La trajectoire de l'équipe est jugée excellente par le comité.

RECOMMANDATIONS À L'ÉQUIPE

Outre l'accès à des technologies de pointe et à des traitements informatiques toujours plus complexes, l'équipe doit veiller à sécuriser, voire à renforcer sa capacité d'accès à des échantillons biologiques originaux. Par ailleurs, l'équipe doit explorer les possibilités de valorisation de ses travaux en dépassant les analyses descriptives et en poursuivant quelques projets fonctionnels prometteurs.

Équipe 3 : LBGB

Nom du responsable : M. Jean-Marc Aury

THÉMATIQUES DE L'ÉQUIPE

L'équipe LBGB a rejoint l'unité en 2020. Elle est une équipe de bio-informatique spécialisée dans l'assemblage et le développement de techniques et de méthodes pour l'assemblage de génomes eucaryotes de haute qualité. L'équipe s'attèle également à l'analyse fonctionnelle de ces génomes et au décryptage des événements évolutifs menant à des génomes complexes par génomique comparative. Initialement spécialisée dans les génomes de plantes, l'équipe étend désormais son activité à d'autres organismes eucaryotes comme les champignons et les animaux. L'équipe développe de nombreuses collaborations de grande ampleur mettant en œuvre son expertise en matière de séquençage des génomes eucaryotes.

PRISE EN COMPTE DES RECOMMANDATIONS DU PRÉCÉDENT RAPPORT

Non applicable, car il n'y a pas eu de recommandation formulée lors de la précédente évaluation par le Hcéres.

EFFECTIFS DE L'ÉQUIPE : EN PERSONNES PHYSIQUES AU 31/12/2023

Catégories de personnel	Effectifs
Professeurs et assimilés	0
Maitres de conférences et assimilés	0
Directeurs de recherche et assimilés	1
Chargés de recherche et assimilés	2
Personnels d'appui à la recherche	8
Sous-total personnels permanents en activité	11
Enseignants-chercheurs et chercheurs non permanents et assimilés	0
Personnels d'appui non permanents	7
Post-doctorants	0
Doctorants	1
Sous-total personnels non permanents en activité	8
Total personnels	19

ÉVALUATION

Appréciation générale sur l'équipe

L'équipe LBGB se distingue par une activité scientifique excellente, notamment en génomique et bio-informatique, avec des publications de qualité dans des revues prestigieuses comme *Nature Plants* (x2) et *Genome Biology* (x1). La production de 5,1 articles par ETP/an et des avancées majeures en génomique végétale et animale témoignent de son dynamisme. Bien financé, notamment grâce au PEPR *AtlaSea* et par le biais de projets européens, le laboratoire bénéficie également d'une forte reconnaissance internationale. Cependant, la gestion de projets ambitieux, comme le séquençage à grande échelle, présente des risques de surcharge, nécessitant un équilibre avec les analyses fonctionnelles et évolutives.

Points forts et possibilités liées au contexte

L'équipe a une excellente activité à la fois dans le développement de techniques pour le séquençage, de méthodes bio-informatiques pour l'assemblage, que pour l'analyse de génomes eucaryotes complexes par génomique comparative. Le dynamisme de cette activité se traduit par un excellent niveau de publication, tant sur le nombre que sur la qualité de ces publications.

Sur la période, 92 articles ont été publiés dans des revues à comité de lecture, ce qui correspond à une excellente production de 5,1 articles/ETP/an. Il s'agit de la production d'articles dans des revues généralistes à large audience comme *Nature* (x4), *Science* (x5), *Nature Ecology & Evolution* (2), *Nature Plants* (x2), *Nature Communications* (x8) *Nature genetics* (x2), mais aussi dans des revues plus spécialisées et d'excellence comme *Gigasciences* (x2), *Cell genomics* (x2) ou *Genome Biology* (x2). Parmi les succès récents de l'équipe, on note l'obtention d'assemblages de génomes de plantes résolus au niveau chromosomique, ce qui correspond à une avancée technique et biologique d'importance en génomique et en biologie végétale (*Nature Plants*, 2018 ; *Communications Biology*, 2021). On note également la réalisation de l'assemblage de deux génomes complexes de coraux dans le cadre de la « *Tara Pacific expedition* » (2023 *Genome Biology*). La haute qualité de l'assemblage obtenu a permis l'étude de duplications géniques en tandem et la mise en relation des paralogues avec l'évolution de la résistance de ces espèces. Ces avancées reposent principalement sur la mise en place de méthodologies voire de nouveaux algorithmes utilisant des longues lectures de séquençage (*NAR Genomics & Bioinformatics*, 2021).

L'équipe est très bien financée sur la période à hauteur de 5,4 M€, ayant obtenu des financements nationaux y compris plusieurs projets soutenus par l'ANR en tant que partenaire dont *Aster* (135 k€) et *Te-Moma* (283 k€), un PEPR (projet PIA) en co-portage (*AtlaSea*, package *Seq-Sea*, 4,3 M€), ainsi que des contrats européens du programme *Horizon* en tant que partenaire : *BGE* (364 k€) et *LongTrec* (283 k€). Ces financements assurent le recrutement de nombreux ingénieurs contractuels sur les différents projets en cours.

L'expertise de l'équipe en matière d'assemblage des génomes est reconnue au niveau européen, notamment avec la participation au consortium *Erga* (*European Reference Genome Atlas*) et au projet *BGE* (*Biodiversity Genomics Europe*), et récemment nationalement avec la co-direction du PEPR *AtlaSea* et la direction du package *SEQ-eaA*. Cette visibilité de l'équipe a ainsi permis d'attirer un doctorant espagnol et un ingénieur vietnamien.

Au travers de ces différents projets européens et français, l'équipe a l'opportunité de diversifier les types d'organismes eucaryotes étudiés, passant d'une expertise assez centrée sur les génomes de plantes, à une expertise de génomes animaux et de champignons. Cela représente autant d'opportunités pour développer les axes de l'équipe concernant l'évolution des génomes eucaryotes : expansion des familles de gènes et évolution des introns.

Points faibles et risques liés au contexte

L'ampleur des projets de séquençage du PEPR *AtlaSea* est sans équivalent pour l'équipe et constitue une tâche très ambitieuse, avec la prévision du séquençage de centaines de génomes eucaryotes. Cela constitue un risque pour l'équipe d'être focalisée sur l'obtention de ces génomes plutôt que sur leur analyse fonctionnelle et évolutive par génomique comparative, qui est un des axes mis en avant par l'équipe.

Analyse de la trajectoire de l'équipe

La trajectoire scientifique de l'équipe LBGB est excellente et pertinente, avec un fort potentiel pour apporter des avancées significatives dans l'exploration de la diversité génomique des eucaryotes. Au cours des cinq prochaines années, l'équipe mettra l'accent sur le développement et l'optimisation de techniques de

séquençage, d'assemblage et d'analyse fonctionnelle des génomes, des éléments essentiels pour soutenir des projets ambitieux tels que BGE et AtlaSea. L'attention portée aux protocoles d'amplification de l'ADN, à la comparaison des méthodes d'assemblage et à l'amélioration des outils bio-informatiques pour gérer des volumes massifs de données, souligne la pertinence de sa stratégie. Les recherches prévues sur la prédiction des gènes et l'identification des matériels génétiques par espèces, combinées à l'étude évolutive des introns grâce à des approches transcriptomiques de longue lecture, illustrent une orientation innovante et prometteuse pour contribuer à une meilleure compréhension des génomes eucaryotes complexes.

Le recrutement en cours d'un chercheur permanent pour renforcer l'équipe sur les thématiques de génomique évolutive est très pertinent dans le contexte d'élargissement des projets actuels. Ce recrutement est également opportun pour établir des liens collaboratifs avec les nouvelles équipes issues de l'équipe Lage et travailler à l'obtention d'une vision intégrée des écosystèmes marins (données des projets Tara Ocean et ATlaSea).

Le financement de l'équipe en personnel, service de séquençage et besoins en ressources informatiques est assuré jusqu'en 2030 en grande partie grâce au PEPR AtlaSea.

RECOMMANDATIONS À L'ÉQUIPE

La visibilité internationale de l'équipe pourrait être augmentée par une participation plus fréquente à des conférences internationales pour exposer la variété des travaux de l'équipe.

La participation à la formation de jeunes chercheurs pourrait être améliorée par l'accueil de plus de doctorants. Cela passerait par l'augmentation du nombre de personnels titulaires de l'HDR dans l'équipe. L'accueil de ces jeunes chercheurs dans l'équipe permettrait d'assurer l'équilibre entre obtention de génomes et leur analyse fonctionnelle et évolutive poussée en sus de l'arrivée d'un nouveau chercheur permanent en cours de recrutement.

Le nombre de projets portés par l'équipe pourrait être amélioré, et tous les C/EC de l'équipe encouragés à porter des projets et/ou déposer des demandes de financement.

Vue la portée des projets de recherche en cours est à venir dans l'équipe, une communication plus large et plus fréquente vers le grand public est envisageable et permettrait de faire la promotion de la science menée et de la sensibilisation à la recherche et sur les écosystèmes étudiés.

Équipe 4 : LGBM

Nom du responsable : Mme Véronique de Berardinis

THÉMATIQUES DE L'ÉQUIPE

L'équipe LGBM est organisée autour de cinq sous-groupes centrés sur le métabolisme bactérien, pour la découverte et compréhension de la fonction des gènes. L'intégration du projet « biodégradation du chlordécone » a été un évènement central de la visibilité de l'équipe sur cette période, notamment médiatique et politique. La structuration du sous-groupe travaillant sur l'ingénierie de souches de *Clostridium phytofermentans* a su prouver sa maturité. L'équipe propose de fortes expertises méthodologiques (FundDiVex et LC/MS/MS) attachées à deux autres sous-groupes, qui permettent un fort rayonnement et de nombreuses interactions, essentiellement en externe.

PRISE EN COMPTE DES RECOMMANDATIONS DU PRÉCÉDENT RAPPORT

Les ressources internationales restent limitées par rapport au budget global de l'équipe, bien que 59 k€ aient été sécurisés en 2022 avec deux projets européens H2020 (Prep-Ibisba et Eforfuel). Le développement du réseau de plateformes, comme FunDivEx et GM3 sous l'égide d'Ibisba, ainsi que la participation à des comités de pilotage comme celui d'Ibisba.fr, sont des signes positifs pour la visibilité de l'équipe.

Cependant, la diffusion des travaux de recherche en congrès internationaux reste insuffisante. Bien que l'équipe participe activement à des communications orales (36 au total), seulement dix d'entre elles ont un membre de l'équipe en premier auteur, et trois membres interviennent principalement. La réorganisation de l'équipe, avec ses cinq sous-équipes, n'a pas encore généré de synergie scientifique marquée, comme le montre le faible nombre de collaborations publiées entre les C/EC de l'équipe (5 sur 59 articles).

En revanche, la thématique de la fermentation de la biomasse, notamment l'ingénierie des *Clostridia*, bénéficie d'un fort soutien local (Génopôle (350 k€), de l'Ifpen (70 k€) ou encore ANR Phytocell (180 k€)) et a conduit à la publication de quatre articles sur l'ingénierie de ces micro-organismes. Cette approche, centrée sur la conversion de la biomasse cellulosique en butanol, démontre un choix stratégique judicieux et ouvre de nouvelles perspectives pour la bioéconomie.

EFFECTIFS DE L'ÉQUIPE : EN PERSONNES PHYSIQUES AU 31/12/2023

Catégories de personnel	Effectifs
Professeurs et assimilés	0
Maitres de conférences et assimilés	2
Directeurs de recherche et assimilés	3
Chargés de recherche et assimilés	3
Personnels d'appui à la recherche	13
Sous-total personnels permanents en activité	21
Enseignants-chercheurs et chercheurs non permanents et assimilés	0
Personnels d'appui non permanents	1
Post-doctorants	2
Doctorants	5
Sous-total personnels non permanents en activité	8
Total personnels	29

ÉVALUATION

Appréciation générale sur l'équipe

L'équipe LGBM propose un condensé des compétences de l'unité, de l'analyse bio-informatique à l'ingénierie de souches, en passant par l'enzymologie ou la chimie. Les cinq principales compétences/thématiques de l'équipe sont concrètement organisées en cinq sous-groupes, chacun d'eux proposant des collaborations très prolifiques, notamment en externe, témoignant d'une excellente visibilité de l'équipe et de la reconnaissance de ses compétences. Le revers de la médaille est que l'équipe contribue à de nombreuses publications internationales, mais son rôle en tant que porteur reste limité. Il est à noter que l'activité de l'équipe dans la diffusion auprès des médias et du grand public est exceptionnelle, notamment sur la problématique du chlordécone.

Points forts et possibilités liées au contexte

L'équipe LGBM est aujourd'hui la plus grande de l'unité, composée de 28 membres, dont huit chercheurs permanents (7 ETP, 5 HDR) et une forte équipe technique (treize personnes, dont cinq ingénieurs et huit techniciens). L'équipe présente l'un des plus forts ratios permanents/non-permanents de l'unité (71 %), offrant ainsi une marge importante pour le recrutement de non-permanents si les financements le permettent. Durant la période, cinq thèses ont été soutenues, toutes avec un article en premier auteur et dans un délai moyen de trois ans et trois mois (une seule à quatre ans), un résultat conforme aux standards des écoles doctorales.

L'équipe a également joué un rôle majeur dans la dissémination scientifique, avec 36 communications orales, principalement lors de conférences internationales en anglais, et la publication de 62 articles dans des revues à comité de lecture, soit une moyenne de 1,4 article par ETP par an, ce qui est très bien. Parmi ces publications, on trouve des revues généralistes à large audience comme PNAS (x1), et des revues disciplinaires telles que ACS Catalysis (x2), Journal of Biological Chemistry (x1), International Society of Microbiological Ecology Journal (x1) ACS Synthetic Biol (x1). Parmi les faits saillants, on peut mentionner la synthèse énantiosélective d'acides aminés par transamination enzymatique en utilisant la glutamine comme donneur d'amines (Advanced Synthesis and Catalysis, 2023). Cette étude a illustré l'efficacité de cette méthode pour produire des acides aminés chiraux, essentiels pour les applications pharmaceutiques. Une autre recherche a mis en évidence la capacité des aldolases à catalyser des réactions sélectives pour la formation de produits ciblés, également rapportée dans Advanced Synthesis and Catalysis (2023). Enfin, l'immobilisation et la transposition des nitrilases d'une échelle de batch à un processus continu ont permis d'améliorer la productivité de l'acide nicotinique (Biotechnology Journal, 2024). Par ailleurs, les cinq principaux chercheurs de l'équipe sont très engagés dans la valorisation de leurs travaux au-delà de la publication scientifique, en particulier, l'activité de diffusion auprès des médias et du grand public est exceptionnelle (notamment sur la problématique du chlordécone), avec une dizaine d'interventions radiophoniques et télévisées et des articles de vulgarisation ; ils participent à des jurys (quatorze thèses, un HDR, six MCF/PR) et sont impliqués dans des comités scientifiques ou de pilotage de plateformes, ainsi que dans des instances liées au chlordécone et aux biotechnologies (par exemple au sein de comités de pilotages gouvernementaux ou au sein d'Ibisba.fr).

En ce qui concerne le financement des travaux de recherche, l'équipe a retrouvé un niveau de ressources comparable à celui d'avant la pandémie, avec un bon équilibre entre financements publics (notamment des projets soutenus par l'ANR pour près d'un million d'euros) et privés obtenus grâce à des contrats industriels et des prestations. Elle a par exemple établi de nouvelles collaborations avec des partenaires industriels tels que GRDF et Michelin pour près de 360 k€. L'obtention de plusieurs financements (pour entre autres une dizaine de projets soutenus par l'ANR dont deux projets portés directement par l'équipe tels que Phytocell (180 k€) sur l'exploration et l'ingénierie du génome des *Clostridium* et Chlord2Nou (292 k€) qui vise à développer de nouveaux outils de surveillance pour le chlordécone et ses produits de transformation) témoigne de la reconnaissance de l'expertise et du leadership de l'équipe dans ses domaines de recherche. Le développement de ces techniques innovantes de détection du chlordécone a permis le dépôt d'un brevet. (Patent EP23172433),

Points faibles et risques liés au contexte

De nombreux mouvements de personnel ont marqué la période, tant pour les C/EC que pour les PAR, bien que le bilan des départs et arrivées reste globalement équilibré. Toutefois, le risque de perte de compétences demeure si ces rotations continuent sur le long terme.

Le personnel est dans l'ensemble bien réparti au sein des sous-groupes, à l'exception de la thématique « Analysis of community genomes », qui est représentée par un seul CR. Bien que l'activité de publication soit excellente, avec onze articles sur les 59 publiés par l'équipe, une grande partie de ces travaux sont réalisés en collaboration

avec des équipes externes, principalement allemandes. De plus, aucun article ne démontre d'interaction directe avec les leaders des autres sous-groupes au sein de l'équipe. Cette dynamique isolée soulève des questions sur la pertinence de maintenir cette activité au sein du LGBM.

L'analyse des publications de l'équipe met en évidence un manque notable de collaborations entre les leaders des cinq sous-groupes. Parmi les 62 publications recensées, une seule associe trois des cinq leaders, et cinq autres en impliquent deux. Les interactions entre l'équipe LGBM et les autres équipes de l'unité demeurent également limitées, à l'exception de liens très forts entre deux sous-groupes de l'équipe LGBM et deux sous-groupes de l'équipe L2BMS. Ces sous-groupes ont respectivement copublié neuf et six articles avec l'équipe L2BMS, mais de manière indépendante, en assumant le leadership (dernier auteur) sur seulement deux de leurs publications respectives. Ces constats renforcent l'impression d'une certaine indépendance entre les thématiques de l'équipe LGBM, alors qu'elle dispose de l'expertise nécessaire pour mener à bien des projets collaboratifs intégrés.

Enfin, si l'équipe ne manque pas de visibilité au vu du très grand nombre de collaborations externes engagées et très prolifiques, le leadership dans ces publications reste malgré tout limité, avec seulement 26 sur les 62 publications portées par un membre de l'équipe. Cela indique une forte dépendance aux collaborations externes, ce qui pourrait affaiblir son identité et sa maîtrise des thématiques, si l'implication se limite à un rôle méthodologique sans véritable prise en charge des projets.

La dépendance aux financements internationaux reste limitée, avec seulement 59 k€ obtenus en 2022. Accroître la recherche de fonds à l'international sans toutefois oublier de diversifier par l'intermédiaire d'autres sources de financement, notamment au niveau local, permettra de sécuriser l'activité de l'équipe en ne dépendant pas que d'un guichet tel que l'ANR.

Analyse de la trajectoire de l'équipe

L'équipe mènera une recherche ambitieuse à l'intersection de la biotechnologie durable et de la gestion des polluants environnementaux, avec un focus sur la biotransformation, la détection des polluants et la bioremédiation. Elle se distingue par son excellence en ingénierie de micro-organismes non modèles, notamment *Clostridium phytofermentans* et des bactéries des *Lachnospiraceae*, pour transformer la lignocellulose et le CO₂ en produits chimiques de valeur, avec des applications industrielles en bio-économie et santé humaine. L'équipe explore également la modification du microbiome intestinal grâce à des co-cultures bactériennes pour améliorer la fonction immunitaire, choix de travail très pertinent sur un domaine en forte expansion. Les collaborations avec des partenaires académiques et industriels et la stratégie de montage de nouveaux projets favoriseront des approches transdisciplinaires. Tous ces thèmes resteront en parfaite continuité de l'activité précédemment présentée.

L'équipe LGBM devrait maintenir une organisation équivalente, en quatre sous-groupes au minima. Avec un départ probable à la retraite et l'arrivée d'un MCF, les activités « découverte d'enzyme » et « Biodégradabilité des polluants » seront chacune menées par deux C/EC. Le renforcement du groupe « fermentation de la biomasse » a lui aussi été concrétisé avec l'arrivée d'un nouveau MCF et d'un technicien. Ces restructurations et les derniers recrutements témoignent d'un fort dynamisme de l'équipe et de sa volonté de garantir une force de recherche à la hauteur des ambitions scientifiques de l'équipe.

Les perspectives de travail sont aussi assurées avec des financements d'ores et déjà obtenus, ou en attente de réponse à des appels d'offres. Il faut toutefois souligner que le cloisonnement scientifique des sous-groupes, déjà constaté lors de la précédente période, se maintient dans les perspectives scientifiques annoncées. Tous les sous-groupes renforcent par contre sans exception leurs liens avec des partenaires extérieurs.

Avec des projets concrets en biodégradation et bio-économie, l'équipe est très bien positionnée pour continuer à repousser les frontières de la biotechnologie et de la chimie environnementale. Les prochains défis concerneront l'industrialisation de ces innovations et leur déploiement à grande échelle dans les secteurs de la bio-économie et de la gestion de l'environnement.

RECOMMANDATIONS À L'ÉQUIPE

Pour maintenir une reconnaissance et une sollicitation constantes de l'équipe, il est essentiel de maintenir une forte activité de développement méthodologique. Cela inclut des initiatives telles que le développement de souches optimisées pour des conditions industrielles spécifiques, la mise en place des protocoles de culture et de gestion des données expérimentales, ainsi que le développement d'outils analytiques pour le chlordécone, tels que des bandelettes et des tests Elisa.

Toutefois, si ces compétences stimulent de très nombreuses collaborations extérieures qui restent importantes et enrichissantes, ces collaborations ne doivent pas être le principal moteur de l'activité de recherche et de valorisation. L'équipe, qui n'est pas une plateforme technique dont le modèle économique reposerait sur la collaboration/prestation pour ses compétences méthodologiques, doit garder son identité thématique et avant tout être reconnue pour cela. Les compétences méthodologiques de l'équipe doivent donc être renforcées et

valorisées à juste titre pour répondre aux orientations choisies par l'équipe plutôt qu'en réponse à des demandes externes, y compris extérieures à l'unité.

Il faudrait aussi rester vigilant sur le fait que ces actions de réseautage ne soient pas que des actions politiques et qu'elles puissent rapidement se concrétiser par le soutien financier grâce à des réponses à des appels d'offres portés par les membres de l'équipe, et par la valorisation d'une activité de recherche menée, de préférence, au sein de l'équipe. Pour soutenir cette action, le comité recommande aussi à l'équipe de participer à des appels d'offres internationaux.

L'analyse des perspectives scientifiques annoncées dans les trajectoires semble par ailleurs souligner que le cloisonnement scientifique est maintenu entre les sous-groupes, cloisonnement déjà constaté lors de la précédente période notamment via un trop faible nombre de co-publications entre chercheurs/enseignants-chercheurs. Il ne faudrait pas, à terme, que cette dispersion nuise à la visibilité de l'équipe.

Équipe 5 : LB2MS

Nom du responsable : Mme Anne Zaparucha

THÉMATIQUES DE L'ÉQUIPE

L'équipe L2BMS aborde différents aspects de la chimie du vivant, allant de la microbiologie avec l'étude de la dégradation des polluants, à la biocatalyse avec la découverte de nouvelles enzymes pour des applications dans la déconstruction et les voies synthétiques, en passant par l'ingénierie métabolique des souches bactériennes pour la mise en place et l'optimisation de voies synthétiques. L'équipe L2BMS gère également le système automatisé de culture en continu.

PRISE EN COMPTE DES RECOMMANDATIONS DU PRÉCÉDENT RAPPORT

Malgré les recommandations formulées, il convient de noter qu'aucune d'entre elles n'a été pleinement mise en œuvre, à l'exception de l'initiative de recrutement de personnel supplémentaire. Bien que l'élargissement de l'équipe de chercheurs permanents ait été réalisé pour renforcer la compétitivité internationale, les autres suggestions, telles que la recherche de collaborations avec des laboratoires spécialisés en toxicologie et écotoxicologie, le développement de projets communs avec l'équipe LissB, et la création d'une entreprise dérivée basée sur les brevets, n'ont pas encore été concrétisées. Il est crucial que ces recommandations soient prises en compte afin d'optimiser les opportunités de recherche et de valorisation des travaux de l'équipe.

EFFECTIFS DE L'ÉQUIPE : EN PERSONNES PHYSIQUES AU 31/12/2023

Catégories de personnel	Effectifs
Professeurs et assimilés	2
Maitres de conférences et assimilés	1
Directeurs de recherche et assimilés	3
Chargés de recherche et assimilés	3
Personnels d'appui à la recherche	8
Sous-total personnels permanents en activité	17
Enseignants-chercheurs et chercheurs non permanents et assimilés	0
Personnels d'appui non permanents	2
Post-doctorants	0
Doctorants	3
Sous-total personnels non permanents en activité	5
Total personnels	22

ÉVALUATION

Appréciation générale sur l'équipe

L'équipe L2BMS affiche une très bonne production scientifique, dont une majorité en collaboration, ainsi que plusieurs contrats nationaux (soutenus par l'ANR) et européens. Ses expertises en évolution dirigée, dépollution marine et biocatalyse lui permettent de nouer de nombreux partenariats, renforçant sa visibilité. Cependant, le partage de thématiques, notamment en biocatalyse, présente des risques de dilution de l'expertise et de coordination. De plus, la reconnaissance externe reste à renforcer, notamment au niveau des invitations dans des conférences internationales.

Points forts et possibilités liées au contexte

La production scientifique de l'équipe L2BMS est très bonne, avec 72 publications (1.6/ETP/an) sur la période, dont 51 issues de collaborations inter-équipes, ainsi que deux chapitres d'ouvrages et un brevet. La qualité de cette production est particulièrement notable, avec des publications dans des revues généralistes à large audience telles que Science (x1), Nature Communications (x3), ainsi que dans les meilleures revues spécialisées des domaines de recherche de l'équipe tels que Nature Catalysis (x1), Nature Microbiology (x2) et ACS Synthetic Biology (x2). Ces réalisations illustrent la haute qualité et la visibilité internationale de la production scientifique. Parmi les 31 publications portées par l'équipe, près de 50 % sont cosignées par un doctorant et 50 % avec des collaborateurs internationaux, ce qui est excellent. L'équipe valorise également ses travaux à travers 26 communications orales et neuf posters, présentés dans presque la moitié des cas par les doctorants.

L'équipe tire parti de ses expertises dans des domaines clés tels que la culture en continu, la dépollution des plastiques en milieu marin et la biocatalyse, pour nouer de nombreuses collaborations tant au sein de l'unité qu'à l'échelle nationale et européenne. Ces collaborations se traduisent par des publications dans des revues de prestige, renforçant ainsi la visibilité et la reconnaissance de l'équipe. À titre d'exemple, l'identification par l'équipe de la première famille d'amine déshydrogénases native (Nature Catalysis, 2019) a permis de sécuriser le financement de projets ambitieux et de consolider de nombreuses collaborations scientifiques, tant au niveau national qu'international (ex. ModamDH). Par ailleurs, les systèmes GM3 (automate de culture continue et d'évolution dirigée) développés et mis en œuvre par l'équipe lui permettent de contribuer à de nombreux projets de recherche d'envergure, tel que le projet européen Eforfuel, dédié à la valorisation biologique du CO₂. Ce programme rassemble quatorze partenaires académiques et industriels de renom. Au total, l'équipe L2BMS a obtenu de nombreux financements, dont deux projets européens (Eforfuel, 350 k€ et Blueremediomics, 80 k€) et huit projets soutenus par l'ANR totalisant plus de 1,15 M€ parmi lesquels on compte deux projets portés par l'unité (ModamDH et Smala, pour 169 et 125 k€ respectivement).

La notoriété de l'équipe se manifeste également par la participation de ses membres à des jurys de thèse et d'HDR, à des comités de recrutement, ainsi que par la relecture d'articles scientifiques. De plus, l'implication croissante de l'équipe dans des réseaux et groupes de travail (GDR, Cozyme, ENzymML), dans l'organisation de cinq colloques ou congrès internationaux ainsi que ses invitations à des de nombreux séminaires, témoigne de sa reconnaissance au sein de la communauté scientifique nationale et internationale.

L'équipe L2BMS s'engage activement à intégrer ses activités de recherche dans la société, notamment à travers des interviews dans la presse écrite et à la radio (21 interventions, dont seize réalisées par un même membre) et des actions de vulgarisation destinées au grand public (dix-huit interventions, dont seize réalisées par un même membre). Ces initiatives renforcent la visibilité de l'équipe, notamment autour de dépollution des plastiques en milieu marin (Projet Tara), et facilitent la diffusion de la science auprès d'un large public.

Points faibles et risques liés au contexte

Depuis la dernière évaluation, le périmètre de l'équipe a évolué, avec le partage du thème de recherche en biocatalyse avec l'équipe LGBM. Cette répartition peut poser des défis, notamment en termes de coordination, de risques de conflits d'intérêts, et de dilution de l'expertise. De plus, la gestion administrative et la reconnaissance des contributions peuvent devenir plus complexes.

L'intégration de chercheurs spécialisés en biodégradation a diversifié davantage les activités de l'équipe. Cependant, une équipe avec un trop grand nombre de thématiques de recherche risque de perdre en visibilité, en donnant l'impression d'être dispersée. Cette dispersion peut diluer l'impact global des travaux et limiter la reconnaissance de l'équipe dans son intégralité.

Certains indicateurs de reconnaissance de l'équipe L2BMS restent modestes sur la période. L'équipe a été invitée à présenter ses travaux majoritairement dans des séminaires/congrès nationaux. Bien que certains membres occupent des responsabilités au sein de sociétés savantes, aucun d'entre eux n'a de rôle dans des

comités éditoriaux. De plus, seul un membre de l'équipe a participé à l'évaluation de demandes de subventions, avec quatre évaluations réalisées durant la période.

Certains doctorants ayant terminé leur thèse ou démarré leur thèse il y a plus de trois ans n'ont pas encore publié.

Analyse de la trajectoire de l'équipe

La trajectoire de l'équipe L2BSM est globalement positive et prometteuse, marquée par une réorganisation stratégique et une vision claire de ses objectifs de recherche. La réorganisation proposée permet de corriger deux des faiblesses identifiées notamment en recentrant les thématiques des anciens groupes Bioremédiation et Biocatalyse autour de la dégradation. Le nombre de projets en cours ou soumis témoigne d'un grand dynamisme de recherche de financements variés pour atteindre les nouveaux objectifs de recherches. La commission note le rapprochement de l'équipe avec l'équipe LissB à travers notamment le dépôt d'un projet européen. Les deux prochains départs en retraite sont partiellement anticipés grâce au recrutement d'un jeune chercheur sur la thématique « métabolisme synthétique », mais également le passage de l'HDR d'un membre de l'équipe ainsi que sa promotion de CR à DR. Pour mener à bien son projet de recherche, l'équipe L2BSM a déjà obtenu un bon nombre de subventions, dont une de l'UE (Eforfuel en tant que partenaire), le reste étant un soutien financier national, principalement basé sur l'ANR (sept subventions de l'ANR en tant que coordinateur).

RECOMMANDATIONS À L'ÉQUIPE

Bien que l'équipe L2BMS présente un solide nombre de publications, la majorité d'entre elles résultent de collaborations. Pour accroître sa visibilité et renforcer son influence, l'équipe pourrait viser à publier davantage en tant que leader principal des études. Par ailleurs, en s'appuyant sur ses nombreuses collaborations internationales, l'équipe pourrait également obtenir davantage d'invitations pour présenter son travail à des conférences internationales.

L'équipe devrait également chercher à augmenter le nombre de doctorats et à améliorer la productivité des doctorants, tout en réduisant la durée des thèses pour optimiser l'efficacité de la formation.

Enfin, avec les départs en retraite à prévoir, il est crucial d'anticiper des recrutements pour garantir une transition fluide des savoir-faire, notamment dans des domaines clés comme les systèmes automatisés de culture en continu. Ces recrutements permettront de maintenir l'expertise de l'équipe tout en favorisant le développement de nouvelles thématiques alignées avec ses objectifs stratégiques. L'équipe peut tirer parti de ses nombreuses collaborations pour attirer des candidatures de chercheurs permanents (CR ou DR CNRS).

Équipe 6 : LissB

Nom du responsable : Mme Valérie Pezo

THÉMATIQUES DE L'ÉQUIPE

L'équipe LissB a intégré l'unité en 2018. Elle se distingue par une diversité thématique marquée, regroupant plusieurs axes de recherche parfois éloignés. Trois sous-équipes structurent ses activités. Xenome se consacre à la compréhension et au développement de microorganismes synthétiques, en intégrant des acides nucléiques artificiels (XNA) pour explorer de nouvelles formes de biologie. Bio-RetroSynth est axée sur l'ingénierie métabolique des microorganismes. Cette sous-équipe est divisée en deux sous-groupes, le premier automatise le cycle DBTL (*Design-Build-Test-Learn*), optimisant ainsi les étapes clés de la biologie de synthèse. Le second développe des biosenseurs métaboliques, notamment dans le cadre de la compétition iGem. SysFate est une jeune sous-équipe qui développe des organoïdes cérébraux pour comprendre des maladies tels que le cancer ou la maladie d'Alzheimer.

PRISE EN COMPTE DES RECOMMANDATIONS DU PRÉCÉDENT RAPPORT

En raison de l'intégration récente de cette équipe à l'Unité GM et de la création d'une nouvelle sous-équipe, aucune recommandation n'avait été formulée à leur égard dans le rapport précédent.

EFFECTIFS DE L'ÉQUIPE : EN PERSONNES PHYSIQUES AU 31/12/2023

Catégories de personnel	Effectifs
Professeurs et assimilés	1
Maitres de conférences et assimilés	2
Directeurs de recherche et assimilés	2
Chargés de recherche et assimilés	2
Personnels d'appui à la recherche	4
Sous-total personnels permanents en activité	11
Enseignants-chercheurs et chercheurs non permanents et assimilés	0
Personnels d'appui non permanents	3
Post-doctorants	3
Doctorants	3
Sous-total personnels non permanents en activité	9
Total personnels	20

ÉVALUATION

Appréciation générale sur l'équipe

Cette équipe présente une grande hétérogénéité, ce qui complique l'identification d'une unité cohérente et l'attribution d'une appréciation globale générale. La création d'une nouvelle sous-équipe, avec une thématique très différente au sein de ce groupe déjà disparate, soulève des interrogations. Les composantes de l'équipe varient non seulement sur le plan scientifique, mais aussi en termes de production : certaines thématiques sont particulièrement productives et de haut niveau, tandis que d'autres restent moins clairement définies. Certaines productions brillent par la qualité et leur originalité telle que l'identification de virus utilisant un ADN chimiquement non-conventionnel et la caractérisation des polymérase correspondantes (Science 2021). Globalement, l'équipe est productive avec 35 publications sur la période, équivalent à 1,06 publication/ETP/an ce qui est bien. L'équipe a aussi développé des liens avec la société par exemple au travers de l'organisation de participations à la Compétition internationale de machines génétiquement modifiées (iGems). Cependant, il est important que de telles activités restent secondaires et que le développement de projets scientifiques d'excellence reste de loin le premier objectif.

Points forts et possibilités liées au contexte

La réorganisation en deux entités, LBSX (Laboratoire de Biologie Synthétique et Xénobiologie) et SysFate, clarifie les priorités scientifiques et permet à chaque équipe de se concentrer sur des domaines spécifiques. LBSX, avec ses équipes Xenome et SynBio, explore la xénobiologie et la biologie synthétique, offrant des perspectives innovantes pour la biotechnologie. SysFate, quant à elle, se concentre sur l'étude des décisions de destin cellulaire en neurobiologie et en cancérologie. Cette structuration optimise les ressources humaines et matérielles pour chaque domaine tout en favorisant les synergies interdisciplinaires.

Au cours de la période d'évaluation, l'équipe LissB a été productive avec 35 publications sur ce laps de temps, équivalent à 1,06 publication/ETP/an. Certaines de ces productions brillent par leur qualité et leur originalité telle que l'identification de virus utilisant un ADN chimiquement non-conventionnel et la caractérisation des polymérase correspondantes (Science 2021). La qualité de cette production est particulièrement notable, avec des publications dans des revues généralistes à large audience telles que Nature Communications (cinq articles), Nature Cell Biology (un article), Nature Microbiology (un article), Science (un article), ainsi que dans les meilleures revues spécialisées des domaines de recherche de l'équipe tel que ACS Synthetic Biology (x5). Ces réalisations illustrent l'excellente qualité et la visibilité internationale de la production scientifique.

Enfin, l'équipe bénéficie d'une solide complémentarité d'expertises et d'une capacité avérée à attirer des financements conséquents, comme les 2,4 M€ obtenus entre 2018 et 2023. Ceci inclut deux contrats européens (H2020 NewmRNA 516 k€ et EIC T-Fitness 480 k€) et six projets soutenus par l'ANR dont deux portés (Mem 135 k€ et Synpathic 170 k€) ainsi que quatre projets INCa. Cela témoigne de la solidité des divers projets et de leur rayonnement scientifique à l'échelle européenne et internationale.

Le projet Xenome, visant à concevoir des micro-organismes porteurs de systèmes génétiques à base de Xeno-Nucleic Acids (XNA), ouvre la voie à des OGM « sûrs » contrôlables par l'utilisateur et incapables de proliférer dans les écosystèmes naturels. Cela pourrait transformer la biotechnologie, notamment pour la production d'OGM sécurisés, et améliorer notre compréhension des mécanismes biologiques naturels. L'étude des phages modifiés par des bases nucléotidiques exogènes, un autre axe majeur de Xenome, permet d'explorer de nouvelles possibilités dans la biologie moléculaire et la biotechnologie en étudiant la biodiversité des phages et leurs capacités uniques.

Les collaborations avec l'équipe LGBM pour la biosynthèse des XNA et l'École Polytechnique pour l'étude structurale des enzymes, ainsi que des partenariats industriels avec Galapagos/Novalix pour la modélisation de l'arthrite rhumatoïde, illustrent l'intégration d'expertises diversifiées et le transfert technologique. Ces partenariats ouvrent des perspectives pour l'application clinique et industrielle des découvertes.

Une découverte majeure a révélé un mécanisme non canonique de polymérisation d'ADN par des siphovirus basés sur l'aminoadénine (Science, 2021). Cette étude ouvre de nouvelles perspectives sur les voies de synthèse de l'ADN et leurs implications biologiques. Un autre fait saillant est le développement d'une ressource complète pour l'intégration, la visualisation et la récupération de données fonctionnelles en génomique, qui a considérablement amélioré l'accès et l'exploitation des données génomiques dans la recherche (Life Science Alliance, 2019).

L'intégration de technologies avancées, telles que la plateforme de Cut & Tag pour l'analyse des modifications épigénétiques, permet de cartographier avec précision les signatures épigénétiques dans des tissus complexes, y compris décalcifiés. Ces technologies sont particulièrement utiles pour l'étude de maladies comme

l'Alzheimer et le cancer. Leur disponibilité via l'infrastructure France Genomics permet également d'élargir l'accès à ces outils pour d'autres équipes de recherche et l'industrie.

Points faibles et risques liés au contexte

La diversité des axes de recherche, bien que prometteuse sur le plan de l'innovation, peut rendre difficile la cohésion scientifique globale. Une équipe qui aborde des sujets aussi variés allant de la construction de microorganismes synthétiques à celle d'organoïdes cérébraux doit s'assurer que chaque domaine contribue à une vision commune clairement définie. Sans une coordination forte, des sujets très spécialisés peuvent nuire à l'efficacité de l'équipe si les synergies ne sont pas bien exploitées.

L'axe d'automatisation de l'ingénierie métabolique semble excessivement dépendant de projets externes et risque de ne pas être viable de manière autonome

L'utilisation principale d'iGem pour justifier un sous-groupe n'est pas convaincante, car les développements issus de ce cadre ouvert seront probablement difficiles à valoriser.

L'intégration d'une jeune équipe au sein de cet ensemble peut avoir des avantages pratiques et administratifs, mais son intérêt scientifique reste flou.

Analyse de la trajectoire de l'équipe

Cette équipe va évoluer en se divisant en deux entités LBSX et Sysfate, ce qui semble logique et pleinement justifié. Au sein du futur LBSX, si la thématique ciblant la xénobiologie est compétitive et d'intérêt, les objectifs et l'unité de l'axe biologie synthétique restent flous et peu convaincants. Il est nécessaire de revoir la pertinence de cette partie de la future équipe LBSX et si nécessaire de la restructurer ou de la refocaliser. Avec l'autonomisation de différents axes, il sera important que chacun puisse rester viable financièrement. L'individualisation des deux thématiques majeures relativement distantes présentes initialement dans LissB est une excellente trajectoire.

RECOMMANDATIONS À L'ÉQUIPE

L'équipe devrait mener une réflexion approfondie sur ses objectifs et sa structuration, en dépassant les considérations historiques. Il est essentiel de clarifier et de redéfinir les axes de recherche pour garantir leur cohérence et leur viabilité à long terme. En particulier, l'utilisation d'iGem pour justifier un sous-groupe nécessite une réévaluation, car les développements issus de ce cadre ouvert risquent d'être difficiles à valoriser scientifiquement. Une réorientation de cet axe pourrait être bénéfique.

De plus, bien que l'intégration d'une jeune équipe dans ce cadre puisse offrir certains avantages administratifs, l'intérêt scientifique de cette inclusion pour LissB en tant qu'équipe reste flou. Il aurait probablement été plus judicieux d'offrir à cette équipe une visibilité accrue dès ses débuts, afin de favoriser son développement scientifique et son impact.

DÉROULEMENT DES ENTRETIENS

DATE(S)

Début : 12 décembre 2024 à 8 h 50

Fin : 13 décembre 2024 à 12 h 20

Entretiens réalisés : en hybride

PROGRAMME DES ENTRETIENS

Entretiens de l'unité Génomique Métabolique — GM

Mode hybride : Président du comité et conseiller scientifique Hcéres en présentiel (« comité sur place »), autres membres du comité en distanciel.

Tous les personnels de l'UMR sont en présentiel

12 décembre 2023

Audition en salle François Jacob (Genoscope)

- 8 h 50** Présentation du comité d'experts et présentation des enjeux de l'expertise Hcéres par le Conseiller scientifique (10')
Auditoire : toute l'unité, tutelles
- 9 h** Présentation de GM par Patrick Wincker et Véronique de Berardinis (20')
Auditoire : toute l'unité, tutelles
- 9 h 20** Discussion générale du comité avec l'équipe de Direction (40')
Auditoire : toute l'unité, tutelles
- 10 h** Présentation du LabGem par David Vallenet (10'présentation+20' discussion)
Auditoire : toute l'unité, tutelles
- 10 h 30** Pause « café » (20')
- 10 h 50** Présentation du Lage par Patrick Wincker (15'présentation+30' discussion)
Auditoire : toute l'unité, tutelles
- 11 h 35** Présentation du LBGB par Jean-Marc Aury (10'présentation+20' discussion)
Auditoire : toute l'unité, tutelles
- 12 h 5** Présentation du LGBM par Véronique de Berardinis (10'présentation+20' discussion)
Auditoire : toute l'unité, tutelles
- 12 h 35** Déjeuner à huis clos du comité sur place en salle MGM

Comité Hcéres + tutelles
- 13 h 45** Présentation du L2BMS par Anne Zaparucha (10'présentation+20' discussion)
Auditoire : toute l'unité, tutelles
- 14 h 15** Présentation du LissB par Valérie Pezo (15'présentation+30' discussion)
Auditoire : toute l'unité, tutelles
- 15 h 5** Entretien collectif à huis clos avec les personnels d'appuis à la recherche, ITA et BIATS (45')
Auditoire : membres du comité & conseiller Hcéres, sans tutelles, ni direction de l'UMR, ni chercheurs ou enseignants-chercheurs, ni personnels en CDD

- 16 h** Entretien collectif à huis clos avec les représentants des tutelles Université Paris Saclay (Evry), CNRS, CEA (45')
Auditoire : comité & conseiller Hcéres et tutelles, sans personnels
- 16 h 45** Pause « café » (15')
- 16 h 50** Visite virtuelle commentée
- 17 h** Réunion à huis clos des membres du comité et du conseiller scientifique
- 19 h** Fin de journée

13 Décembre 2024

- 9 h** Entretien collectif à huis clos avec les contractuels (doctorants, post-doctorants et autres CDD « chercheurs ou ITA-BIATS » ; 45')
Auditoire : membres du comité & conseiller Hcéres, sans tutelles, ni direction de l'UMR, ni personnels permanents
- 9 h 55** Entretien collectif à huis clos avec les chercheurs et enseignants-chercheurs (45')
Auditoire : comité & conseiller Hcéres sans tutelles, ni direction de l'UMR, ni responsables d'équipes, ni personnels d'appui à la recherche, ni contractuels.
- 10 h 40** Pause « café » (15')
- 10 h 55** Entretien collectif à huis clos avec les responsables d'équipes (30')
Auditoire : membres du comité & conseiller Hcéres, sans tutelles, ni direction de l'UMR.
- 11 h 35** Entretien à huis clos avec l'équipe de direction (45')
Auditoire : comité & conseiller Hcéres, sans tutelles, ni personnels
- 12 h 20** Fin des entretiens

OBSERVATIONS GÉNÉRALES DES TUTELLES

**DIRECTION DE LA RECHERCHE,
ET DES RELATIONS INTERNATIONALES**

**1^{ère} Vice-présidente de la Recherche
Christelle MONVILLE**

Evry, le 28 février 2025

**2nd Vice-président de la Recherche
Guillaume TIFFON**

Affaire suivie par : Carole TROUSSIER

Téléphone : 0169477171/ 0782671707

Courriel : carole.troussier@univ-evry.fr

**Rapport d'évaluation HCERES
DER-PUR260024848- GM
Génomique Métabolique**

Madame, Monsieur, Cher.e.s collègues,

Nous avons pris connaissance avec le plus grand intérêt du rapport détaillé du comité d'experts HCERES concernant l'activité du Laboratoire GM (Génomique Métabolique) dans le cadre de la campagne d'évaluation 2019-2023 vague E.

En tant que Vice-présidents Recherche de l'Université d'Évry Val d'Essonne, nous confirmons par la présente ne pas avoir d'observations d'ordre général à formuler à l'égard du rapport d'évaluation DER-PUR260024848 - GM -Génomique Métabolique.

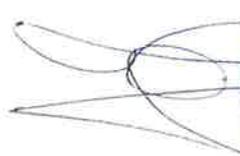
En vous priant d'agréer, Madame, Monsieur, cher.es collègues, l'assurance de nos salutations les plus distinguées.

1^{ère} Vice-présidente de la Recherche




Christelle MONVILLE

2nd Vice-président de la Recherche




Guillaume TIFFON

UNIVERSITÉ D'ÉVRY

Boulevard François Mitterrand
91025 Evry Cedex

01 69 47 70 00

www.univ-evry.fr



À l'attention de :
M. Frédéric Coulon
Président du Comité
M. Xavier Cousin
Représentant du HCERES
Aux membres du comité d'experts

Fontenay-aux-Roses, le 25 février 2025

Objet : Rapport d'évaluation HCERES de l'Unité Génomique Métabolique

N/Réf. : DIR/DRF/Jacob 2025 – 005

Chères et chers collègues,

Nous avons lu avec le plus grand intérêt le rapport du comité HCERES, concernant les activités de l'UMR Génomique Métabolique, dans le cadre de la campagne d'évaluation 2019-2023, vague E.

En tant que Directeur de l'Institut de Biologie François Jacob, je confirme par la présente, au nom de la tutelle CEA, n'avoir aucune remarque générale à formuler sur le rapport d'évaluation DER-PUR260024848 - GM - Génomique Métabolique.

Veuillez agréer, Madame, Monsieur, Chères et chers collègues, l'expression de nos salutations les plus distinguées.

Pr Reiner Veitia
Directeur de l'IBFJ

A blue ink signature of Reiner A. Veitia is written over a circular official stamp. The stamp contains the text: 'C.E.A. INSTITUT DE BIOLOGIE FRANÇOIS JACOB', 'Tr. Louis de Broglie 91191 Fontenay-aux-Roses Cedex', and 'DIRECTION DE LA RECHERCHE FONDAMENTALE'. To the right of the stamp, the name and title are printed: 'Pr Reiner A. VEITIA', 'Directeur de l'Institut de biologie François Jacob', and the email address 'reiner.veitia@cea.fr'.

Les rapports d'évaluation du Hcéres
sont consultables en ligne : www.hceres.fr

Évaluation des universités et des écoles

Évaluation des unités de recherche

Évaluation des formations

Évaluation des organismes nationaux de recherche

Évaluation et accréditation internationales



19 rue Poissonnière
75002 Paris, France
+33 1 89 97 44 00

