



Thèse CIFRE

Envirotypage pour RAGT : modélisation agronomique et écophysiological du blé pour intégrer les effets d'interaction $G \times E \times M$ au sein de processus de sélection variétale.

1- Contexte et enjeux

Les systèmes agricoles sont, et seront plus encore à l'avenir, confrontés à plusieurs challenges tels que la croissance de la demande globale en produits d'origine agricole, la limitation de l'empreinte environnementale des agro-industries, ou l'adaptation au changement climatique tout en y apportant une réponse (ex. stockage du carbone).

L'amélioration variétale est un levier efficace pour relever ces défis. Ses principes de base reposent sur le croisement entre des variétés ayant des caractéristiques spécifiques complémentaires pour sélectionner les meilleurs descendants. Toutefois, la performance des variétés est fortement dépendante des conditions pédoclimatiques de l'environnement et des pratiques culturales, ce qui se matérialise par divers effets d'interactions ($G \times E \times M$), ce qui implique que les meilleurs descendants ne seront pas les mêmes dans différentes conditions $G \times E \times M$.

Dans ce contexte, les entreprises de sélection cherchent de plus en plus à coupler les approches statistiques utilisant des réseaux d'essais multi-environnements avec des modèles de culture agronomiques et écophysiologicals (ex. STICS, APSIM, WOFOST, DSSAT, etc.), afin de mieux prédire les différents effets et leurs interactions sur la performance des cultures. L'implémentation de ces outils au sein des méthodes de sélection traditionnelles doit permettre d'augmenter la précision de sélection et donc d'optimiser les gains génétiques de l'équation du sélectionneur.

2- Objectifs de la thèse

Cette offre de thèse s'inscrit au sein d'un projet interne qui a pour objectif de prendre en compte les différents effets d'interaction $G \times E \times M$ au sein des processus de sélection variétale de RAGT. Les objectifs à moyens et longs termes étant de développer des génétiques plus performantes et plus stables face à des contraintes environnementales données, et de mieux identifier les génotypes les plus adaptés aux zones de marchés. Pour y parvenir, le/la candidat(e) retenu(e) devra combiner l'utilisation de modèles de culture, des modèles statistiques avancés, ainsi que des outils de sélection génomique.

3- Description et méthodologie

Cette thèse sera divisée en trois work packages :

1. Il s'agira en premier lieu de bien comprendre les différents formalismes écophysiologicals utilisés dans le modèle de culture APSIM (Brown et al., 2018). L'étudiant(e) appliquera le modèle pour caractériser un réseau d'essais d'un programme de sélection blé localisé en France, en suivant les travaux publiés par Chenu et al. (2013). L'objectif de cette première tâche étant de réaliser des études d'envirotypage consistant en la caractérisation des génotypes et des environnements pour évaluer les effets $G \times E$ (Chenu et al., 2011).

1/2

2. Dans un second temps, des modèles statistiques avancés (modèles multivariés, Random Forest, deep learning...) seront mis en place pour identifier et évaluer des indicateurs génétiques et environnementaux devant permettre de prédire la performance de nouvelles variétés dans des environnements spécifiques (Cooper and Messina, 2021 ; Montesinos López et al., 2022).
3. Finalement, l'ensemble des méthodes testées et mises en avant lors des deux premiers work packages devront être mise à l'épreuve dans le contexte d'un schéma de sélection. L'usage des indicateurs génétiques et environnementaux couplés à l'usage du modèle de culture doit in fine permettre, via des simulations, d'évaluer l'effet de la méthode envirotypage sur le gain génétique (Bančič et al., 2023).

4- Structures d'accueil

Le/la doctorant(e) travaillera majoritairement à **la station de recherche de Druelle (Aveyron, France) de RAGT2n**, la filiale recherche de RAGT Semences. Des déplacements réguliers auront lieu vers le site de Crouel du centre INRAE de Clermont-Ferrand, au sein de l'unité mixte de recherche du GDEC. Cette thèse inclura une visite de plusieurs mois à l'Université du Queensland (Queensland Alliance for Agriculture and Food Innovation – QAAFI – Gatton, Australie), afin de se familiariser et d'appliquer le modèle APSIM.

Les données disponibles liées à ce programme incluent l'ensemble des classes de données nécessaires en entrées de modèles de culture (données descriptives du sol, données météorologiques, données d'itinéraire technique) ainsi que des données génotypiques et phénotypiques.

5- Profil candidat(e)

Nous recherchons un(e) candidat(e) portant le même projet et la même ambition avec une formation d'ingénieur ou de Master 2 en biostatistiques, en sciences agronomiques, ou en biologie végétale. Du fait des fortes composantes en statistique, modélisation et en gestion de big Data, le ou la candidat(e) devra avoir un intérêt certain pour les outils informatique, la gestion et l'analyse de données, et la programmation, en particulier avec le langage R et/ou python. Des connaissances en écophysiologie ainsi qu'une expérience en modélisation seraient avantageuses. Le ou la candidat(e) devra faire preuve de capacités de communication écrite et orale, en Français en Anglais, ainsi que de qualités d'écoute et d'apprentissage.

6- Bibliographie

- Bančič, J., Greenspoon, P., Gaynor, R., C., and Gorjanc G. 2024. « Plant Breeding Simulations with AlphaSimR ». *Crop Science* 2024; 1–21. <https://doi.org/10.1002/csc2.21312>
- Brown, H., Huth, N., and Holzworth D. 2018. « Crop model improvement in APSIM: Using wheat as a case study ». *European Journal of Agronomy* 100; 141-150. <https://doi.org/10.1016/j.eja.2018.02.002>.
- Chenu, K., Cooper, M., Hammer, G. L., Mathews, K. L., Dreccer, M. F., and Chapman, S. C. 2011. « Environment characterization as an aid to wheat improvement: interpreting genotype–environment interactions by modelling water-deficit patterns in North-Eastern Australia ». *Journal of Experimental Botany* 62; 1743-1755. <https://doi.org/10.1093/jxb/erq459>.
- Chenu K, Deihimfard R, Chapman SC (2013) Large-scale characterization of drought pattern: a continent-wide modelling approach applied to the Australian wheatbelt spatial and temporal trends. *New Phytologist*. 198: 801-820. <https://doi.org/10.1111/nph.12192>.
- Cooper, M., et Messina, C. D. 2021. « Can We Harness “Enviromics” to Accelerate Crop Improvement by Integrating Breeding and Agronomy? » *Frontiers in Plant Science* 12. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.735143>.
- Montesinos López, O. A., Montesinos López, A., and Crossa, J. 2022. *Multivariate Statistical Machine Learning Methods for Genomic Prediction*. Cham: Springer International Publishing. <https://doi.org/10.1007/978-3-030-89010-0>.