



PROPOSITION DE STAGE 2022-2023

Le GIS Fruits souhaite soutenir des stages étudiants de 6 mois, niveau Master 2 sur le thème des fruits et offre pour cela de financer des bourses de stages réalisés dans des labos INRAE. Le sujet proposé doit :

- i) s'inscrire dans les axes thématiques du GIS,
- ii) être construit en partenariat entre au moins 3 membres du GIS*,
- iii) le stagiaire doit être encadré par un maître de stage INRAE.

* Les trois partenaires proposant le stage ne doivent pas appartenir à la même unité.

>Axes thématiques du GIS : <http://www.gis-fruits.org/Le-GIS-Fruits/Axes-thematiques>

>Partenaires du GIS : <http://www.gis-fruits.org/Le-GIS-Fruits/Membres-fondateurs>

Organismes partenaires : (1) INRAE (2) Institut Agro (3) CEP

Dont l'école membre du GIS le cas échéant : Institut Agro

Lieux du stage : INRAE PACA, UR 1052 – Génétique et Amélioration des Fruits et Légumes

Durée : 6 mois

Dates : début possible de janvier à mars

Niveau : Stage de fin d'études BAC + 5 (Option Ingénieur, ou Master 2)

Profil du stage : Recherche appliquée

INTITULE DU STAGE : Intégration de données multisites et multiannées pour la prédiction génomique des composantes de résilience chez l'abricotier et le pêcher

Contexte et problématique :

La voie génétique est un levier essentiel pour fournir des variétés mieux adaptées à une production agro-écologique. Dans le contexte de l'arboriculture, qui repose sur des plantes pérennes, une gestion de la santé des arbres sur la durée est cruciale pour assurer une production continue des vergers, expliquant en grande partie la forte dépendance aux pesticides de ce secteur (IFT entre 10 et 20 pour l'abricotier et le pêcher, source : statistique agricole Agreste). En effet, une maladie ou un ravageur s'attaquant à un verger va non seulement impacter la quantité et la qualité de production à l'échelle de l'année concernée, mais est aussi fortement susceptible d'entraîner une alternance de production, une baisse de vigueur voire un dépérissement des arbres, et des contaminations grandissantes les années suivantes. Devant l'urgence de développer des variétés de fruitiers moins gourmandes en intrants phytosanitaires, l'unité GAFL développe un nouvel axe de recherche sur la notion de résilience des arbres fruitiers avec pour objet d'étude les abricotiers et pêchers. La résilience est un vaste concept (Bai and Plastow, 2022; Sauvart and Martin, 2010) qui dans notre contexte représente la capacité d'un arbre à maintenir son fonctionnement au fil des années en présence de perturbations dues aux bioagresseurs. Pour étudier ce trait chez les fruitiers, il est indispensable de travailler :

- Avec des vergers à forte diversité génétique menés sous basse protection phytosanitaire
- Avec un grand nombre de variables caractérisant la santé de l'arbre à plusieurs niveaux (vigueur et activité photosynthétique, symptômes, phénologie) à l'aide d'une démarche multitrait
- À travers de nombreux environnements, à l'aide d'un réseau d'observation multisite mené sur une longue durée (de 5 à 10 ans)

Aujourd'hui, l'équipe Prunus mène ses observations sur des core-collections implantées dans un réseau à cheval sur trois régions et dédié à l'étude de la résilience chez l'abricotier et le pêcher.

L'équipe souhaite valoriser la complémentarité entre génétique d'association et prédiction génomique pour mettre au point à moyen terme des outils de diagnostic génétique de la résilience pour les sélectionneurs

(via la sélection assistée par marqueurs et sélection génomique). Tous les individus des core-collections pêcher et abricotier sont densément génotypés à l'aide de marqueurs de type Single Nucleotide Polymorphism (~30k SNP chez l'abricotier et ~14k SNP chez le pêcher). La génétique d'association, qui permet d'identifier des marqueurs liés aux traits de résilience, est déjà à l'étude au travers d'une thèse initiée en 2021 à l'aide des données de phénotypage et de génotypage disponibles (Roth et al. 2022, Serrie et al. 2022).

Le présent sujet de stage vise à explorer le potentiel de la sélection génomique pour les traits de résilience et sera co-encadré par Marie Serrie, doctorante de l'équipe travaillant sur la génétique d'association. La sélection génomique permet de prédire à l'aide des données génomique des traits en entraînant un modèle de génétique quantitative de type linéaire (ex. GBLUP, rrBLUP), bayésien (ex. 'BAYES alphabet'), ou encore à l'aide du machine learning (ex. random forest, Heslot et al., 2012). Les traits quantitatifs sont le souvent sujets à des fortes interactions GxE, et il a été démontré qu'utiliser les liens statistiques entre sites permet d'améliorer les prédictions pour un site donné (Crossa et al., 2022; Roth et al., 2022). De même, il est possible d'exploiter les corrélations entre traits pour obtenir de meilleures prédictions sur des traits peu héréditaires ou entre traits anti-corrélés (Nsibi et al. 2020; Jung et al., 2022; Montesinos-López et al., 2022). Une composante essentielle de ce stage sera donc de tester les modèles correspondants et ainsi évaluer la faisabilité d'identifier des génotypes résilients dans de plus vastes collections de ressources génétique ou de matériel de sélection. Les traits étudiés seront ceux déjà évalués en routine par l'équipe (symptômes de bioagresseurs, phénologie, circonférence du tronc). L'étudiant-e sera également en charge d'adapter un protocole d'acquisition pour estimer l'activité photosynthétique, sur la base d'essais préliminaires réalisés en 2022 à l'aide d'un chlorophylle-mètre, qui servira comme trait complémentaire destiné à la prédiction de la santé des arbres en verger.

Objectifs généraux du stage / Résultats attendus :

Objectifs

1. Caractériser la résilience des arbres dans des core-collections de pêcher et d'abricotier soumises à des pressions biotiques diverses et contexte-dépendantes par l'intégration de données multicaractère, multisite et multiannée
2. Prédire les composantes de résilience en contexte mono- et multienvironnement grâce à des modèles de prédiction génomique adéquats

Résultats attendus

1. Protocole finalisé pour l'estimation de l'activité photosynthétique des arbres en verger
2. Jeu de données regroupant les traits de résilience estimés en verger
3. Quantification des interactions GxE pour les traits estimés
4. Hiérarchisation des traits de résilience et création d'index de robustesse et de résilience à l'aide de données multicaractère, multisite et multiannée
5. Comparaison de modèles de prédiction génomique multi-environnement et multi-trait
6. Identification de profils résilients dans les ressources génétiques INRAE qui sont génotypées

Publications de l'équipe d'accueil et/ou relative au sujet (et/ou au projet dans lequel s'insère le stage – nom des membres de l'équipe en gras) :

- Colleu, S., Guadagnini-Palau, M., **Audergon, J. M.**, et al. (2016). Méthodes et dispositifs innovants pour l'évaluation du matériel végétal fruitier, rapport MEDIEVAL.
- Debaeke, P., & **Quilot-Turion, B.** (2014). Conception d'idéotypes de plantes pour une agriculture durable. In Ecole chercheur INRA (pp. 254-p). FormaScience.
- Bai, X., and Plastow, G.S. (2022). Breeding for disease resilience: opportunities to manage polymicrobial challenge and improve commercial performance in the pig industry. CABI Agric. Biosci. 3, 1–17.
- Crossa, J., Montesinos-López, O.A., Pérez-Rodríguez, P., Costa-Neto, G., Fritsche-Neto, R., Ortiz, R., Martini, J.W.R., Lillemo, M., Montesinos-López, A., Jarquin, D., et al. (2022). Genome and Environment Based Prediction Models and Methods of Complex Traits Incorporating Genotype × Environment Interaction. In Genomic Prediction of Complex Traits, Methods in Molecular Biology, Vol 2467, N. Ahmadi, and J. Bartholomé, eds. (New York: Humana Press), pp. 245–283.
- Heslot, N., Yang, H.P., Sorrells, M.E., and Jannink, J.L. (2012). Genomic selection in plant breeding: A comparison of models. Crop Sci. 52, 146–160.
- Jung, M., Keller, B., **Roth, M.**, Aranzana, M.J., Auwerkerken, A., Guerra, W., Al-Rifaï, M., Lewandowski, M.,

- Sanin, N., Rymenants, M., et al. (2022). Genetic architecture and genomic predictive ability of apple quantitative traits across environments. *Hortic. Res.* 9, uhac028.
- Montesinos-López, O.A., Montesinos-López, A., Mosqueda-Gonzalez, B.A., Montesinos-López, J.C., and Crossa, J. (2022). Accounting for Correlation Between Traits in Genomic Prediction. In *Genomic Prediction of Complex Traits, Methods in Molecular Biology*, Vol 2467, N. Ahmadi, and J. Bartholomé, eds. (New York: Humana Press), pp. 285–327.
- Nsibi, M., Gouble, B., Bureau, S., Flutre, T., Sauvage, C., **Audergon, JM**, and Regnard, J. (2020). Adoption and optimization of genomic selection to sustain breeding for apricot fruit quality.
- Roth, M.**, Beugnot, A., Mary-Huard, T., Moreau, L., Charcosset, A., and Fiévet, J.B. (2022). Improving genomic predictions with inbreeding and nonadditive effects in two admixed maize hybrid populations in single and multi-environment contexts. *Genetics* iyac018.
- Sauvant, D., and Martin, O. (2010). Robustesse, rusticité, flexibilité, plasticité... les nouveaux critères de qualité des animaux et des systèmes d'élevage : Définitions systémique et biologique des différents concepts. *Prod. Anim.*
- M.Serrie**, A.Blanc, L.Brun, G.Claudel, F.Combe, **F.Gilles**, **G.Roch**, **V.Signoret**, **S.Viret**, **J.M.Audergon**, **B.Quilot-Turion**, **M.Roth**, Adapting stone fruit to pesticide reduction: screening apricot and peach core-collections for multi-pest resistance via integrative phenotyping under low pesticide management, *IHC*, In press

ACTIVITES DOMINANTES CONFIEES AU STAGIAIRE :

- Affiner un protocole pour mesurer la photosynthèse dans les core-collections à l'aide d'un chlorophylle-mètre de type SPAD, et réaliser les mesures correspondantes
- Venir en appui aux notations de terrains de routine de l'équipe (réalisées en binôme) et qui serviront aux analyses :
 - Phénologie (débourrement foliaire et floral)
 - Symptômes de bioagresseurs (ex. cloque sur pêcher et monilia sur abricotier)
 - Vigueur (circonférence des troncs)
- Mise en forme et modélisation des données de phénotypage (distributions, analyses de variance)
- Tester des modèles de prédiction phénotype/génotype multitrait et multi-environnement
- Communication orale et écrite des résultats dans l'équipe et auprès des partenaires

PROFIL REQUIS :

- Dernière année de Formation Supérieure BAC + 5
- Connaissances : statistiques et génétique quantitative. Idéalement connaissance des plantes cultivées et phytopathologie
- Compétences opérationnelles : maîtrise du logiciel d'analyses R (idéalement code sous R-Markdown pour le partage de scripts). Goût pour le travail de terrain (contexte verger)
- Langues : français (lu, parlé, écrit), anglais (lu)
- Permis de conduire (le cas échéant) : très souhaitable mais pas indispensable

INDEMNISATION (SUR BUDGET INRAE-GIS FRUITS) :

Selon la réglementation en vigueur pour 2023 (environ 600 €/mois)

AVANTAGES PROPOSES (le cas échéant) :

- logement : quelques chambres disponibles à la location sur le centre INRAE
- restauration : subvention INRA pour les repas au restaurant inter-entreprises Agroparc

CONTACT MAITRE DE STAGE INRAE :

(1) Maître de stage INRAE

Nom et fonction du responsable à contacter : Morgane ROTH, Chargée de Recherche au GAFL

Adresse : GAFL INRA Avignon, Domaine St Maurice, BP94, 84143 Montfavet cedex

Tél. : 04.32.72.27.63

Site web (équipe et/ou projet) : <http://www6.paca.inra.fr/gafl>

Mail : morgane.roth@inrae.fr