

# Construction de nouveaux critères multi-objectifs pour la sélection variétale intégrant la variabilité environnementale

Sujet de post-doctorat

Unité Mathématiques et informatique appliquées  
du génome à l'environnement (MaIAGE)  
INRAE, Jouy-en-Josas

Pour postuler, merci d'envoyer un dossier complet contenant votre CV et votre lettre de motivation à Estelle Kuhn ([estelle.kuhn@inrae.fr](mailto:estelle.kuhn@inrae.fr)).

## Contexte

Dans le contexte actuel de changement climatique, l'agriculture est au cœur des préoccupations, à la fois comme l'une des causes de ce processus, mais aussi du fait des bouleversements majeurs qu'elle subira et auxquels elle devra s'adapter. L'une des notions clés qu'il est nécessaire de mieux comprendre pour appréhender ces questions est celle de l'interaction entre la plante et son environnement au sens large (conditions météorologiques, conditions de sol, présence de ravageurs, conduite de culture de l'agriculteur). Comment les variétés cultivées actuellement vont-elles s'adapter aux effets du changement climatique, en particulier aux situations de stress ? Quelles sont les variétés les plus robustes et les plus résilientes les plus à même de s'adapter aux nouvelles conditions ?

L'objectif du poste est de construire de nouveaux critères pour la sélection variétale, en tenant compte de plusieurs objectifs simultanément. On pourra par exemple chercher à maximiser le rendement et la surface foliaire de la plante. Une autre cible serait de prendre en compte de la variabilité environnementale, par exemple en considérant le rendement dans différentes conditions environnementales. La prise en compte de plusieurs objectifs simultanément permettra de sélectionner des variétés robustes, par exemple dans plusieurs environnements ou dans des environnements extrêmes dans un contexte de changement climatique.

Les données de rendement disponibles proviennent d'une expérience de 220 variétés (appelées également génotypes) de blé observées dans 42 environnements avec des conditions de cultures et climatiques contrastées. Leur génome a été caractérisé (par génotypage dense) ce qui permet de calibrer des modèles pour prédire de nouvelles variétés. Le génotypage consiste à identifier des variations le long de l'ADN.

Aspects mathématiques et informatiques L'approche envisagée reposera sur l'optimisation multicritère et l'élicitation de préférence. lorsque tous les critères sont observés. En présence d'aléa, les incertitudes pourront être modélisées par des lois de probabilité. L'obtention de règles de décision pourra faire appel à des méthodes statistiques et à la théorie de la décision. Les garanties théoriques pourront être obtenues à partir de raisonnements en probabilité ou à partir d'un formalisme ensembliste. La méthodologie développée pourra être étendue en la combinant à des modèles de prédiction génomique de la littérature pour pouvoir considérer des génotypes supplémentaires non observés. La détermination pratique des ensembles solution fera appel à de l'optimisation combinatoire et à des développements informatiques spécifiques en Python.

## Profil recherché

Doctorat en mathématiques appliquées, ayant un intérêt pour le travail à l'interface et les applications en sciences du vivant ; maîtrise d'un langage de programmation indispensable ; rigueur scientifique, curiosité intellectuelle, facilité de communication.

## Modalités pratiques et encadrement

Le poste sera localisé au centre INRAE de Jouy-en-Josas dans l'unité MaIAGE. L'encadrement sera réalisé par Estelle Kuhn (MaIAGE, INRAE, Paris Saclay), Renaud Rincant (Génétique quantitative et évolution Le Moulon, INRAE, Paris Saclay) et Jean-Benoist Leger (Heudiasysc, Université de Technologie de Compiègne).

## Références bibliographiques

- [1] Ehrgott, M. (2005). Multicriteria optimization (Vol. 491). Springer Science & Business Media.
- [2] Feller W., (1968) An Introduction to Probability Theory and Its Applications, Wiley.
- [3] Bickel P.J., Doksum K.A. (2001) Mathematical statistics, Prentice Hall.
- [4] Rincant R., Malosetti M., Ababaei B., Touzy G., Mini A., Bogard M., Martre P., Le Gouis J., van Eeuwijk F.. (2019) Using crop growth model stress covariates and AMMI decomposition to better predict genotype-by-environment interactions. *Theor Appl Genet*, 12 (132) 3399-3411.
- [5] Akdemir, D., Beavis, W., Fritsche-Neto, R., Singh, A. K., Isidro-Sánchez, J. (2019). Multi-objective optimized genomic breeding strategies for sustainable food improvement. *Heredity*, 122(5), 672-683.