*Offre de stage - UMR AGAP Institut*

**Déterminisme génétique des stades phénologiques chez la vigne cultivée**

**CONTEXTE :**

Le **changement climatique** impacte fortement le développement de la **vigne cultivée**, notamment via des décalages significatifs des **stades phénologiques clé** (García de Cortázar-Atauri et al., 2017). Ces décalages entraînent non seulement des risques accrus de dommages liés aux évènements climatiques extrêmes tels que gels tardifs ou canicules, mais aussi un décalage du cycle de développement du raisin pouvant entraîner une diminution du rendement et de la qualité (van Leeuwen et al., 2024).

Afin d’accélérer la sélection de **nouvelles variétés adaptées** aux futures conditions climatiques, l’équipe DAAV cherche à caractériser le **déterminisme génétique** des caractères cibles, dont la phénologie et la fertilité. Plusieurs régions génomiques contrôlant ces caractères (QTL) ont déjà été trouvées dans des populations bi-parentales (Doligez et al., 2010 ; Vezzulli et al., 2019 ; Delfino et al., 2019) mais la diversité explorée est faible et la localisation de ces régions peu précise.

C’est pourquoi nous avons défini et planté un **panel de 279 variétés** représentant l’ensemble de la diversité génétique de la vigne cultivée, *Vitis vinifera* (Nicolas et al., 2016), en 4 répétitions, à l’Unité Expérimentale INRAE de Pech-Rouge (Gruissan, Aude). Dans le cadre de projets Vinid’Occ financés par la région Occitanie, des données de **génotypage** pour 3 millions de marqueurs SNP ont été obtenues récemment par séquençage pour ce panel, et une première campagne de **phénotypage** est prévue en 2025. Par ailleurs, nous disposons aussi de données de phénologie et fertilité notées sur plusieurs années sur le même panel, bouturé en pot, dans le cadre d’un précédent projet financé par l’ANR.

**OBJECTIFS DU STAGE :**

Les principaux objectifs du stage sont d’acquérir des premières données phénologiques sur ce panel au champ, et de trouver les régions génomiques associées à leur variabilité par analyse d’association génotype-phénotype (GWAS).

**PROGRAMME DU STAGE :**

L’étudiant.e sera chargé.e de la **notation de 3 stades phénologiques** importants chez la vigne (débourrement, floraison, et véraison = début de maturation des baies) **et de la fertilité**, pour l’ensemble du panel dans 2 blocs, avec l’appui de techniciens de recherche INRAE. Il/elle utilisera l’interface de saisie Adonis développé par INRAE. Ce travail de terrain se déroulera à Pech-Rouge en mars (débourrement), mai (fertilité et floraison), et juillet (véraison).

L’étudiant.e assurera également les **analyses statistiques** des données obtenues avec R :

- exploration des données (distributions, corrélations, outliers)

- sélection de modèles mixtes pour l’estimation des composantes de la variance, de l’héritabilité, et de la valeur génétique (BLUP)

- GWAS unilocus (avec MM4LMM, Laporte et al., 2022) et multilocus (avec mlmm, Segura et al., 2012)

Des scripts R sont déjà disponibles dans l’équipe pour ces différentes étapes d’analyse statistique, il faudra seulement les adapter aux variables mesurées pendant le stage.

Enfin, le/la stagiaire pourra, selon le temps disponible :

- réaliser les mêmes analyses statistiques sur les données déjà obtenues en pots pour ces caractères, pour comparer les QTL trouvés entre champ et pots.

- rechercher les gènes candidats pour les principaux QTL détectés

**PLANNING PREVISIONNEL :**

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
|  | mars | avril | mai | juin | juillet | août |
| Etude bibliographique | x | x |  |  |  |  |
| Notation du débourrement | x |  |  |  |  |  |
| Début analyse données |  | x |  |  |  |  |
| Notation de la fertilité et de la floraison |  |  | x |  |  |  |
| Suite analyse données |  |  |  | x |  |  |
| Notation de la véraison et fin analyse données |  |  |  |  | x |  |
| Rédaction / soutenance |  |  |  |  |  | x |

**PROFIL SOUHAITE :**

Elève ingénieur ou master, spécialisé en génétique végétale, avec un intérêt pour le travail de terrain et pour l’analyse de données.

Bonnes notions de génétique quantitative et expérience d’utilisation de R requises.

Stage de 6 mois de niveau M2, pouvant convenir également pour une période de césure.

**CONDITIONS PRATIQUES :**

*Dates :* De début mars à fin août (dates contraintes par les stades phénologiques)

*Lieu :* Unité Expérimentale Pech-Rouge (Gruissan) pour les notations phénologiques, et Cirad (Montpellier) pour les analyses statistiques. NB : l’étudiant.e devra loger sur l’Unité Expérimentale de Pech-Rouge pendant les périodes de notation.

*Indemnisation :* ~ 570 € / mois.

*Avantages :* subvention cantine au Cirad et à Pech-Rouge, logement gratuit à Pech Rouge.

**ENCADREMENT :**

*Responsable de stage :*Agnès Doligez, Ingénieur de Recherche INRAE.

UMR AGAP Institut, Equipe Diversité, Adaptation et Amélioration de la Vigne (DAAV)

CIRAD Lavalette, bât 3, avenue Agropolis, Montpellier

Tél. : 04 67 61 49 67

*Encadrement technique pour les notations :* Emmanuelle Garcia-Adrados et Thierry Pons, techniciens de recherche INRAE.

**POUR POSTULER :**

Envoyer CV + lettre de motivation à Agnès Doligez (agnes.doligez@inrae.fr).

**REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES** *(en gras, références de l’équipe d’accueil)*:

Delfino *et al.* (2019) Selection of candidate genes controlling veraison time in grapevine through integration of meta-QTL and transcriptomic data. BMC Genomics 20, 739. <https://doi.org/10.1186/s12864-019-6124-0>

**Doligez et al. (2010)** QTLs for fertility in table grape (*Vitis vinifera* L.). Tree Genetics & Genomes 6, 413–422. <https://doi.org/10.1007/s11295-009-0259-0>

**Nicolas *et al.*** **(2016)** Genetic diversity, linkage disequilibrium and power of a large grapevine (*Vitis vinifera* L.) diversity panel newly designed for association studies. *BMC Plant Biol* 16, 74. <https://doi.org/10.1186/s12870-016-0754-z>

**García de Cortázar-Atauri *et al.*** **(2017)**. Grapevine phenology in France: from past observations to future evolutions in the context of climate change. OENO One, 51, 115–126. <https://doi.org/10.20870/oeno-one.2017.51.2.1622>

Laporte *et al.* (2022) Efficient ReML inference in variance component mixed models using a Min-Max algorithm. PLoS Comput Biol 18(1): e1009659. <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1009659>

**Segura *et al.* (2012)** An efficient multi-locus mixed-model approach for genome-wide association studies in structured populations. Nat Genet 44, 825–830. <https://doi.org/10.1038/ng.2314>

van Leeuwen *et al.* (2024). Climate change impacts and adaptations of wine production. Nat Rev Earth Environ 5, 258–275. <https://doi.org/10.1038/s43017-024-00521-5>

**Vezzulli *et al.* (2019).** Molecular Mapping of Grapevine Genes. In: Cantu, D., Walker, M. (eds) The Grape Genome. Compendium of Plant Genomes. Springer, Cham. <https://doi.org/10.1007/978-3-030-18601-2_7>