**Sujet de stage M2 / ingénieur 2024**

**Déterminisme génétique de la gestion du carbone sous contrainte hydrique chez la vigne**

**Contexte et objectifs**

Les vignobles méditerranéens subissent des sécheresses de plus en plus fréquentes et intenses. Les conséquences sur la production, la vigueur, voire la survie du vignoble peuvent être dramatiques. Chez la vigne comme chez d’autres espèces ligneuses, les réserves carbonées conditionnent la capacité de la plante à encaisser ces épisodes de sécheresse à répétition (Pantin et al., 2013 ; McDowell et al., 2008). Certaines pratiques culturales (taille, vendange en vert) visent précisément à adapter la gestion du stock de carbone remobilisable chaque année par la plante en évitant une trop forte exportation dans la récolte ou dans les jeunes feuilles en croissance (Pellegrino et al., 2014). On connait mal les différences entre cépages dans cette **gestion du carbone** en conditions de sécheresse alors que des contrastes évidents sont régulièrement rapportés (Escalona et al., 2012). Pour éclaircir ces **différences entre cépages**, un ambitieux programme a été initié par plusieurs UMR à Montpellier en 2018 (ANR G2WAS). Des expérimentations sur près de 250 variétés soumises à 3 scénarios hydriques en plate-forme de phénotypage ont permis de récolter des informations sur la réponse des plantes en termes d’allocation du carbone vers les racines, le bois de l’année ou ancien, les feuilles et les grappes, sous forme facilement remobilisable (amidon, sucres solubles) ou non, ainsi que sur les capacités photosynthétiques. L’**objectif** du stage proposé est de contribuer à analyser ces données pour **faire la part de ce qui est invariable dans le panel de variétés étudiées et, au contraire, de ce qui varie en terme de partage du carbone et de ses réponses à la contrainte hydrique, et pour rechercher les déterminants génétiques** (QTL) de cette variabilité. Il s’agit d’une première étape clé dans le projet de recherche global qui, avec une extension prochaine au champ, doit permettre d’adapter le matériel végétal voire les pratiques aux conditions climatiques à venir.

**Données, méthodes, et programme de travail**

L’étudiant.e analysera les données de biomasse déjà acquises sur 246 variétés diversifiées, représentatives de la diversité génétique de la vigne cultivée, *Vitis vinifera* L. (Nicolas et al. 2016). Ce panel de variétés a été soumis à 3 régimes hydriques durant 3 semaines à partir de la véraison (stade phénologique correspondant au début de la maturation des baies), dans la plateforme PhenoArch (https ://www6.montpellier.inrae.fr/lepse/Plateformes-de-phenotypage-M3P/Montpellier-Plant-Phenotyping-Platforms-M3P/PhenoArch) : WW (well-watered, 1,7 g d’eau/g sol sec), WD1 (1,05 g/g), WD2 (0,5 g/g). Les biomasses fraîches et/ou sèches des feuilles, rameaux, bois d’un an, tronc, racines, et fruits ont été pesées avant et après l’application des régimes hydriques différenciés.

Une première analyse statistique exploratoire (distributions, corrélations, détection des outliers, effet de covariables liées au dispositif expérimental) est en cours sur les variables brutes et sur des variables dérivées, telles que les évolutions absolues et relatives, et les ratios entre compartiments. C’est notamment la première fois que le ratio parties aériennes / parties souterraines sera disponible pour un tel dispositif chez la vigne, même si des analyses ont déjà été réalisées sur quelques variétés (Tandonnet et al., 2009). L’évolution de la biomasse aérienne (végétative et des grappes) sous contrainte hydrique est actuellement dérivée des séquences d’imagerie obtenues en plate-forme.

L’étudiant.e réalisera :

1) l'élaboration de modèles statistiques permettant de déduire les **valeurs génotypiques** des observations phénotypiques brutes (sélection et ajustement demodèles mixtes à l’aide du package R lme4, Bates et al 2015).

2) les analyses de **génétique d’association (GWAS)** avec les données génomiques disponibles issues de reséquençage (GBS Flutre et al 2022, et projet Plastivigne en cours coordonné par AGAP) :

2a) Les associations seront d’abord recherchées par régime hydrique avec des méthodes GWAS déjà pratiquées en routine dans l’UMR AGAP (Flutre et al 2022).

2b) Puis les **interactions GxE** (variété x régime hydrique) seront caractérisées par différentes méthodes : par GWAS sur des variables dérivées résumant les réponses au déficit hydrique (différences normalisées ou ratios entre régimes hydriques), par méta-analyse sur les résultats obtenus par régime (De Walsche et al 2022), par GWAS multivariée (MTMM, Korte et al 2012). Ces différentes méthodes sont en cours d’application sur les données de fonctionnement foliaire obtenues sur le même dispositif expérimental (thèse Eva Coindre, AGAP-LEPSE).

2c) Enfin, une méthode originale récente permettra d’explorer les **interactions QTLxE** (ou QEI) (Li et al 2022), notamment dans les cas où une seule répétition est disponible pour les données de biomasse.

**EQUIPE ENCADRANTE**

Unité : UMR AGAP (unité d’accueil) et UMR LEPSE

Intitulé de l’équipe : DAAV (AGAP) et ETAP (LEPSE)

Nom et Prénom des encadrants : DOLIGEZ Agnès (AGAP) et SIMONNEAU Thierry (LEPSE)

Fonction des encadrants : Ingénieure de Recherche (A.D.) et Directeur de Recherche (T.S)

Affiliation : INRAE

Adresse :

A.D. : AGAP, CIRAD Lavalette, Avenue d’Agropolis, 34398 Montpellier Cedex 05

T.S. : LEPSE, 2, place Viala, 34060 Montpellier cedex

Tél : A.D. : 04 67 61 49 67 et T.S. : 04 99 61 27 52

Mail : A.D. : [agnes.doligez@inrae.fr](mailto:agnes.doligez@inrae.fr) ; T.S : [thierry.simonneau@inrae.fr](mailto:thierry.simonneau@inrae.fr)

**Lieux de réalisation du stage** : AGAP (3 j/semaine) et LEPSE (2j/semaine)

Le co-encadrement rapproché AGAP-LEPSE permettra d’orienter au mieux les analyses, en enrichissant les connaissances scientifiques en génétique et écophysiologie du.de.la candidat.e. Le sujet s’intègre dans un projet ANR G2WAS qui implique des experts en statistiques, ce qui permettra de compléter aussi les connaissances du.de.la candidat.e. dans ce domaine.

**Durée** : 6 mois (pas de contrainte de dates car seulement analyse de données)

**Indemnisation** : ~3500 €

**Références**

Bates et al. 2015. Fitting Linear Mixed-Effects Models Using lme4. J Statistical Software, 67:1-48. ⟨10.18637/jss.v067.i01⟩

De Walsche et al. 2022. Meta-analysis of GWAS for studying GxE interactions. XVIIIth Eucarpia Biometrics in Plant Breeding Conference. 21-23 September 2022, Gif-sur-Yvette, France.

Escalona et al. 2012. Carbon balance in grapevines under different soil water supply : Importance of whole plant respiration. Aust J Grape Wine Res, 18(3) :308‑318. https://doi.org/10.1111/j.1755-0238.2012.00193.x

Flutre et al. 2022. A genome-wide association and prediction study in grapevine deciphers the genetic architecture of multiple traits and identifies genes under many new QTLs. G3, Genetics Society of America 12(7), jkac103 ⟨10.1093/g3journal/jkac103⟩

Korte et al. 2012. A mixed-model approach for genome-wide association studies of correlated traits in structured populations. Nat Genet 44:1066-71. ⟨10.1038/ng.2376⟩

McDowell et al. 2008. Mechanisms of plant survival and mortality during drought: Why do some plants survive while others succumb to drought? New Phytol 178:719–739.

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. ⟨10.1186/s12870-016-0754-z⟩

Pantin et al. 2013. Buffering growth variation against water deficits through timely carbon usage. Front Plant Sci, 4:483. doi: 10.3389/fpls.2013.00483

Pellegrino et al. 2014. Management practices impact vine carbohydrate status to a greater extent than vine productivity. Front Plant Sci, 5. https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fpls.2014.00283

Tandonnet et al. 2009. Scion genotype controls biomass allocation and root development in grafted grapevine : Scion/rootstock interactions in grapevine. Aust J Grape Wine Res, 16(2):290‑300.

Zhang et al. 2022. Identification of QTNs, QTN-by-environment interactions and genes for yield-related traits in rice using 3VmrMLM. Front Plant Sci, 13. ⟨10.3389/fpls.2022.995609⟩