

Projet post-doctoral

Prédiction de l'aptitude de génotypes d'une céréale
au mélange avec une légumineuse
à l'aide d'un modèle mécaniste
et de données de phénotypage à haut débit

- **Supervision:**
 - **Pierre Barbillon** (Prof. AgroParisTech, MIA-Paris-Saclay)
 - **Timothée Flutre** (CR INRAE, GQE-Le Moulon)
- **Début:** dès que possible.
- **Durée:** 18 mois.
- **Salaire net mensuel:** entre 2400 et 2900 euros par mois (selon expérience) + budget pour missions
- **Laboratoire:** MIA-Paris-Saclay et GQE-Le Moulon.
- **Candidature:** Envoyer un CV détaillé et une lettre de motivation à pierre.barbillon@agroparistech.fr et timothee.flutre@inrae.fr.

Mots-clés : calage/validation de modèles numériques, agroécologie, biodiversité cultivée, blé, pois.

Description du projet : La diversification est un levier agroécologique majeur, notamment la diversification intra-parcelle qui consiste à **semmer des cultures génétiquement hétérogènes au sein de la même parcelle**. De tels mélanges permettent de limiter les épidémies de pathogènes et présentent des complémentarités d'utilisation des ressources. En particulier, les céréales et les légumineuses sont complémentaires pour l'utilisation de l'azote. De plus, la plupart des essais au champ comparant la productivité de variétés de céréale en monoculture par rapport à celle en mélange avec une légumineuse montre une interaction "génotype x type de peuplement" significative (Demie et al., 2022). Cependant, l'évaluation de tous les mélanges possibles conduit à une **explosion**

combinatoire : ce verrou limite les études à un petit nombre de variétés et freine donc lourdement la sélection pour augmenter l'aptitude au mélange des variétés.

Nous visons à relever ce défi méthodologique en utilisant des **modèles mécanistes pour explorer l'espace des mélanges possibles**. De tels modèles simulent la croissance des plantes sous différents scénarios et dépendent de paramètres à calibrer afin de rendre les sorties des modèles les plus proches possibles de données expérimentales acquises au champ. Afin de calibrer ces modèles, nous proposons d'utiliser différents types de données acquises au champ en dynamique, telles que (1) des mesures destructives de biomasse par espèce, (2) des mesures non-destructives de LAI global à l'aide d'un ceptomètre (sans distinction entre les deux espèces en mélange), et (3) des données de fraction verte globale issues d'images de drone (Gilliot et al., 2022). Concrètement, le modèle mécaniste STICS dans sa dernière version adaptée aux mélanges céréale-légumineuse (Vezy et al., 2023) serait alimenté avec ces différents types de données de phénotypage permettant une calibration simultanée du modèle sur différents génotypes.

Le principal objectif de ce post-doc sera donc de prédire la croissance en biomasse et le rendement en grains de différents génotypes de blé en mélange avec du pois à l'aide du modèle de culture STICS, et d'explorer ainsi la base génétique de la plasticité phénotypique du blé entre monoculture et mélange, dans une diversité d'environnements. Les génotypes de blé apparentés entre eux ayant une plus forte probabilité de se comporter de manière similaire, le défi consiste à analyser conjointement les données de différents génotypes. Pour cela, la contribution majeure consistera à **proposer une méthode de calibration** proche de celle de Higdon et al. (2008) afin de permettre la calibration automatique du modèle STICS adapté aux mélanges interspécifiques dans un objectif de génétique (voir aussi Barbillon et al. (2017)). Une analyse de sensibilité multivariée du modèle sera réalisée afin d'identifier les paramètres les plus importants à calibrer précisément. Une étude par simulation sera également conduite afin de déterminer la quantité de données nécessaires à acquérir pour obtenir une calibration suffisamment précise. Des stratégies complémentaires proposées par le post-doctorant pour atteindre l'objectif du projet seront également les bienvenues.

Présentation de l'UMR MIA-Paris-Saclay : L'UMR MIA Paris-Saclay, associée aux tutelles AgroParisTech, INRAE et Université Paris-Saclay, regroupe des statisticiens et des informaticiens spécialisés dans la modélisation et l'apprentissage statistique et informatique pour la biologie, l'écologie, l'environnement, l'agronomie et l'agro-alimentaire. Leurs compétences portent sur les méthodes d'inférences statistiques (modèles complexes, modèles à variables latentes, inférence bayésienne, apprentissage, sélection de modèles...), et algorithmiques (généralisation, transfert de domaine, représentation des connaissances). L'unité est rattachée au département MATHNUM d'INRAE et au département MMIP d'AgroParisTech. En lien avec le sujet du post-doc, l'UMR participe activement au réseau méthodologique **MEXICO** et au réseau thématique **UQ**.

Présentation de l'UMR GQE-Le Moulon : L'UMR GQE-Le Moulon, associée aux tutelles Université Paris-Saclay, INRAE, AgroParisTech et CNRS, regroupe des scientifiques spécialisés en biologie évolutive, génétique, génomique, biostatistique et bioinformatique. En particulier, les recherches de l'équipe DEAP (Diversité, évolution et adaptation des populations) visent à gérer et valoriser la diversité cultivée pour la transition agroécologique, avec le blé tendre comme espèce modèle. Dans le cadre de deux thèses financées par les projets **MoBiDiv** (PPR CPA) et **CoBreeding** (PEPR A&N), J. Enjalbert et T. Flutre mettent en place des essais au champ de centaines de variétés de blé observées en monoculture et en mélange avec du pois.

Organisation : Le ou la candidat.e travaillera en proche collaboration avec P. Barbillon et T. Flutre, et aura son bureau dans l’UMR MIA-Paris-Saclay à 10 min en bus de l’UMR GQE-Le Moulon sur le plateau de Saclay. Ce post-doc s’effectue dans le cadre du projet AgroStat financé par le PEPR **Maths-VivES**, un projet interdisciplinaire rassemblant des mathématiciens, statisticiens et biologistes. Le post-doc sera donc amené à participer aux animations de ce projet (webinaires, réunions).

Compétences attendues : PhD en modélisation statistique ou apprentissage automatique. Maîtrise techniques des algorithmes d’inférence complexe. Maîtrise de la programmation en R, Python ou Julia. Expérience de travail avec des méthodes de recherche reproductibles (versioning avec git, reporting avec markdown). Maîtrise de l’anglais écrit et expérience de la publication dans des revues à comité de lecture.

References

- Barbillon, P., Barthélémy, C., and Samson, A. (2017). Parameter estimation of complex mixed models based on meta-model approach. *Statistics and Computing*, 27(4):1111–1128.
- Demie, D. T., Döring, T. F., Finckh, M. R., van der Werf, W., Enjalbert, J., and Seidel, S. J. (2022). Mixture× genotype effects in cereal/legume intercropping. *Frontiers in Plant Science*, 13:846720.
- Gilliot, J.-M., Hadjar, D., and Michelin, J. (2022). Potential of ultra-high-resolution uav images with centimeter gnss positioning for plant scale crop monitoring. *Remote Sensing*, 14(10):2391.
- Higdon, D., Gattiker, J., Williams, B., and Rightley, M. (2008). Computer model calibration using high-dimensional output. *Journal of the American Statistical Association*, 103(482):570–583.
- Vezy, R., Munz, S., Gaudio, N., Launay, M., Lecharpentier, P., Ripoche, D., and Justes, E. (2023). Modeling soil-plant functioning of intercrops using comprehensive and generic formalisms implemented in the stics model. *Agronomy for Sustainable Development*, 43(5):61.