Offre de post-doctorat en génétique des traits phénotypiques qui peuvent contribuer à l'amélioration de la qualité du tourteau de tournesol

Résumé

Etant déficitaire en protéines végétales, la France recourt à des importations, surtout sous forme de tourteau de soja. Développer la production nationale de ces matières est donc primordial pour réduire cette dépendance et, dans ce contexte, le tourteau de tournesol a un rôle important à jouer. Coproduit de l'extraction de l'huile, riche en acides aminés soufrés et dépourvu de facteurs antinutritionnels, ce tourteau peut être intéressant aussi bien pour l'alimentation animale que pour l'alimentation humaine.

Cependant, son utilisation en alimentation humaine est limitée par plusieurs facteurs, à savoir sa faible teneur en protéine et en lysine et des problèmes de décorticabilité des graines. Un des leviers pour améliorer les caractéristiques du tourteau de tournesol est représenté par la génétique. Or, le contenu en protéine des graines de tournesol, leur profil en acides aminés et leur aptitude au décorticage varient significativement en fonction du génotype. Cependant, leurs bases moléculaires sont inconnues.

Ce post-doctorat se propose de combler cette lacune, en approfondissant la compréhension des mécanismes sous-jacents à ces caractères et en ouvrant la voie à la sélection de variétés de tournesol plus adaptées à l'usage animal et humain.

Du point de vue pratique, nous allons utiliser d'abord la génétique d'association (GWAS) pour identifier les régions potentiellement responsables de la teneur en protéine des graines, de leur composition en acides aminés et de leur aptitude au décorticage. Ensuite, nous choisirons les lignées inbred avec les valeurs les plus extrêmes pour deux de ces traits et nous en étudierons le transcriptome par RNAseq.

A présent, la mesure de la teneur en protéine et le profil en acides aminés des graines sont déjà disponibles pour la totalité des échantillons de la population qui sera utilisée pour le GWAS (population « SEAM »), ce qui permettra au·à la candidat·e retenu·e de commencer à travailler rapidement à l'analyse des données. En revanche, les mesures de l'aptitude au décorticage et d'autres traits phénotypiques complémentaires, comme la teneur en huile et la teneur en coques des graines, ne sont pas encore disponibles et devront être réalisées pendant les premiers mois du contrat post-doctoral. Cela nécessitera la participation du·de la candidat·e aux activités de laboratoire nécessaires à la production de ces données.

En outre, en 2027 la population « SEAM » sera cultivée pour une deuxième année, en mesurant deux des susdits phénotypes, à savoir la teneur en protéine et l'aptitude au décorticage. Cela rendra possible la caractérisation de l'interaction de ces traits avec l'environnement.

Dans le cadre de l'analyse des données, le·la candidat·e retenu·e s'occupera de tester et de comparer les méthodes existantes pour effectuer les différentes étapes (par exemple, le GWAS ou la définition des blocs haplotypiques), et choisira celle qui correspondra aux résultats plus robustes du point de vue statistique. Une fois ces résultats obtenus, il devra les interpréter en les plaçant dans leur contexte biologique, ce qui impliquera une étude systématique de la littérature disponible et une compréhension du système biologique en étude.

Compétences souhaitées

Candidat·e titulaire d'une thèse intéressé·e par les études de génétique quantitative et par les thématiques liées à l'amélioration de la qualité des débouchés issus des oléagineux en prenant en compte des critères innovants. Des compétences en génétique quantitative, biostatistique et biologie végétale sont souhaitées, ainsi qu'une connaissance d'un langage de programmation adapté au contexte (de préférence « R »). Des compétences de base en laboratoire de biologie moléculaire sont aussi appréciées.

Compétences acquises à l'issue du post-doc

Le·la candidat·e retenu·e apprendra à gérer et analyser des jeux de données génomiques complexes. Il·elle apprendra également à comparer des approches techniques différentes pour effectuer la même typologie d'analyse (par ex. méthodes de GWAS univariées versus méthodes multivariées), en choisissant la plus adaptée du point de vue de la robustesse statistique. En outre, il·elle développera la capacité d'évaluer de manière critique la pertinence des résultats obtenus en les plaçant dans leur contexte biologique à travers une analyse de la littérature disponible sur la thématique.

Durée du contrat

Le contrat est initialement financé sur une durée de 11 mois à partir du 1er février 2027, avec une forte possibilité de prolongation pour 10 mois supplémentaires.

Environnement de travail

Le·la candidat·e retenu·e sera accueilli·e au sein de l'équipe de recherche ASTR (INRAE de Castanet Tolosan), qui étudie les mécanismes moléculaires impliqués dans les réponses aux stress abiotiques chez le tournesol.