OFFRE DE STAGE DE MASTERS 2

Organismes partenaires : INRAE**,** Institut Agro**,** Novadi
Lieux du stage : UMR AGAP, INRAE, Avenue Agropolis, 34398 Montpellier
Durée : 6 mois
Dates : à partir de février 2027
Niveau : Stage de fin d'études BAC + 5 (Option Ingénieur, ou Master 2)
Profil du stage : Recherche appliquée

Identification de marqueurs génétiques de précocité et de tardiveté du débourrement pour la sélection variétale du pommier

Contexte et problématique :

La dormance des bourgeons est un mécanisme d'adaptation des plantes pérennes aux variations saisonnières de température, qui permet de protéger les méristèmes pendant l'hiver. Chez les arbres fruitiers tempérés, la levée de la dormance nécessite l'accumulation d'une quantité suffisante de froid, avant que l'accumulation de chaleur permette la reprise de la croissance. Ces besoins en froid et en chaleur varient entre espèces et entre variétés. Le changement climatique peut perturber ces processus : des températures hivernales plus élevées peuvent retarder et désynchroniser le débourrement et la floraison, tandis que des températures printanières élevées peuvent favoriser une floraison précoce, augmentant le risque de dommages liés aux gelées tardives. Ces changements phénologiques peuvent ainsi compromettre la floraison et réduire la production fruitière. La sélection de variétés présentant des dates de débourrement adaptées aux conditions climatiques des différentes régions de production constitue ainsi un enjeu important pour la filière arboricole.

Chez le pommier, plusieurs études génétiques ont identifié une région majeure (QTL) sur le chromosome 9 associée à la date de débourrement floral (Allard et al., 2016 ; Celton et al., 2011 ; van Dyk et al., 2010, Watson et al. 2024). Cependant, cette région s'étend sur environ 3,3 Mb et comprend de nombreux variants, ce qui limite son utilisation directe en sélection variétale. Dans une étude GWAS récente, le SNP présentant le signal d'association le plus fort a été associé à un débourrement tardif, mais il n'explique qu'une partie de la variation observée entre variétés (Watson et al. 2024). Ces résultats suggèrent que d'autres variants génétiques situés dans cette région pourraient également être impliqués dans la variation de la date de débourrement. Une caractérisation plus fine de cette région permettrait d'identifier des allèles associés à un débourrement précoce ou tardif, et de proposer des marqueurs génétiques utilisables pour la sélection assistée par marqueurs.

Par ailleurs, les variants structuraux représentent une source importante de diversité génomique qui n'est pas entièrement capturée par les SNP. Le QTL du chromosome 9 recouvre notamment une région riche en variants structuraux identifiée lors d'une analyse pangénomique (Wang et al. 2023). Ces variations pourraient contribuer aux différences de phénologie entre variétés.

La collection de référence des pommes à dessert françaises, située à Mauguio, comprend plus de 200 variétés phénotypées pour leur date de débourrement sur plusieurs années. La disponibilité de données de reséquençage à lectures courtes, d'assemblages génomiques obtenus à partir de séquençage PacBio et de ressources pangénomiques développées au sein de l'équipe offre aujourd'hui la possibilité d'explorer plus finement la diversité génétique dans cette région.

Objectifs généraux du stage :

Ce stage vise à affiner la caractérisation des variations génétiques associées à la date de débourrement dans la région du QTL du chromosome 9, en combinant des analyses d'association multi-SNP et haplotypes avec l'étude des variations de séquence, notamment structurales. L'objectif est d'identifier des allèles

associés à la précocité et à la tardiveté du débourrement, qui pourraient constituer des cibles d'intérêt pour les programmes de sélection variétale visant à développer des variétés adaptées aux différentes conditions climatiques observées ou attendues dans les différents bassins de production.

ACTIVITES DOMINANTES CONFIEES AU STAGIAIRE :

- Revue bibliographique

- Analyses d'association génétique : intégrer les données de débourrement des années les plus récentes aux données historiques, puis réaliser des analyses d'association multi-SNP et haplotypes à partir des données de reséquençage à lectures courtes, afin de mieux caractériser les variations génétiques associées à la date de débourrement dans la région du chromosome 9.

- Comparaison des séquences et analyse des variants structuraux dans la région du QTL : caractériser les différences de séquence entre des variétés présentant des dates de débourrement contrastées, à partir des données de séquençage à longues lectures PacBio et des assemblages génomiques disponibles, en utilisant des outils bioinformatiques d'alignement, de comparaison et de visualisation des séquences génomiques.

- Identification de variants d'intérêt pour la sélection variétale : identifier et prioriser des allèles associés à un débourrement précoce ou tardif, afin de proposer des cibles génétiques pertinentes pour le développement futur de marqueurs utilisables en sélection assistée par marqueurs.

- Synthèse et valorisation : documenter les analyses, présenter les résultats à l'équipe et aux acteurs de la profession (Novadi, Chaire Innov'Arbo), rédiger un rapport de stage.

PROFIL REQUIS :

- Dernière année de Formation Supérieure BAC + 5
- Connaissances : génétique quantitative, génétique moléculaire ou en bioinformatique
- Compétences opérationnelles : Une première expérience avec Linux ou R constitue un atout, sans être indispensable si le/la candidat·e est motivé·e pour développer ces compétences.
- Langues : Français ou anglais courant

INDEMNISATION (SUR BUDGET INRAE-GIS FRUITS) :

Selon la règlementation en vigueur pour 2027 (environ 680 €/mois)
Restaurant sur site (subventionné)

CONTACT ET MAITRE DE STAGE :

Marion Sinclair-Waters, UMR AGAP, INRAE, marion.sinclair-waters@inrae.fr
Laurine Lambelin, UMR AGAP, Institut Agro, laurine.lambelin@supagro.fr
Claire Thouminot, Novadi, c.thouminot@cepinnovation-novadi.com
Aurélien Petiteau, UMR IRHS, INRAE, aurelien.petiteau@inrae.fr
Site web d'équipe : https://umr-agap.cirad.fr/recherches/equipes-de-recherche/mecanismes-adaptatifs-des-plantes-perennes-aux-changements-environnementaux/presentation

Dossier de candidature (CV et lettre de motivation) à envoyer à marion.sinclair-waters@inrae.fr et laurine.lambelin@supagro.fr avant le 1 décembre 2026

Publications de l'équipe d'accueil et/ou relative au sujet (et/ou au projet dans lequel s'insère le stage) :

Allard, A., Bink, M. C. A. M., Martinez, S., Kelner, J. J., Legave, J. M., Di Guardo, M., Di Pierro, E. A., Laurens, F., Van De Weg, E. W., & Costes, E. (2016). Detecting QTLs and putative candidate genes involved in budbreak and flowering time in an apple multiparental population. Journal of Experimental Botany, 67(9), 2875–2888. https://doi.org/10.1093/jxb/erw130

Celton, J.-M., Martinez, S., Jammes, M.-J., Bechti, A., Salvi, S., Legave, J.-M., & Costes, E. (2011). Deciphering the genetic determinism of bud phenology in apple progenies: A new insight into chilling and heat requirement effects on flowering dates and positional candidate genes. New Phytologist, 192(2), 378–392. https://doi.org/10.1111/j.1469-8137.2011.03823.x

Watson, A. E., Guitton, B., Soriano, A., Rivallan, R., Vignes, H., Farrera, I., Huettel, B., Arnaiz, C., Falavigna, V. D. S., Coupel-Ledru, A., Segura, V., Sarah, G., Dufayard, J.-F., Sidibe-Bocs, S., Costes, E., & Andrés, F. (2024). Target enrichment sequencing coupled with GWAS identifies MdPRX10 as a candidate gene in the control of budbreak in apple. Frontiers in Plant Science, 15, 1352757. https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1352757