

Proposition de Postdoctorat  
**Labex BASC – Biodiversité, Agroécosystèmes, Société, Climat**

<b>Titre :</b>	« Déterminants de l'évolution de la diversité génétique du blé en France et ses relations avec les pratiques agricoles et la production »
<i>Date limite dépôt candidature :</i>	25/01/2015
<i>Durée :</i>	18 mois
<i>Salaire :</i>	Niveau IR - 2310 à 2481 € selon l'expérience
<i>Employeur :</i>	INRA sur financement Labex BASC ( <a href="http://www.inra.fr/basc">www.inra.fr/basc</a> )
<i>Localisation :</i>	Génétique Quantitative et Evolution – Le Moulon , UMR INRA, Univ. Paris Sud, CNRS, AgroParisTech (anciennement UMR de Génétique Végétale du Moulon) – Gif-sur-Yvette Déplacements réguliers sur le site de l'INRA de Grignon
<i>Laboratoires impliqués</i>	Laboratoires impliqués dans le LabEx BASC : > Génétique Quantitative et Evolution – Le Moulon (I Goldringer & J Enjalbert, généticiens et P Montalent, bioinformaticien) > UMR Agronomie - INRA de Grignon (D Makovski, statisticien, A Gauffretau & MH Jeuffroy, agronomes) > UMR Bioger (C Pope, phytopathologiste) Et au-delà de BASC : C. Bonneuil (historien des sciences, CNRS Centre Koyré) et R Goffaux (FRB).
<i>Contact :</i>	Pour plus d'information, contacter Isabelle Goldringer – tel : 01 69 33 23 70 – <a href="mailto:isa@moulon.inra.fr">isa@moulon.inra.fr</a>
<b>Description de l'emploi</b>	
<i>Contexte :</i>	Face aux aléas du changement climatique, la répartition de la diversité génétique d'une espèce cultivée à différentes échelles spatiales et temporelles pourrait influencer la stabilité de la production agricole de cette espèce ainsi que d'autres services éco-systémiques tels que les régulations biologiques vis-à-vis des bioagresseurs. Nous disposons d'une base de données détaillée (maille du département) sur l'évolution de la diversité génétique du blé tendre sur le territoire Français au cours du 20ème siècle estimée par différents indicateurs dont $H_T^*$ , un indicateur intégratif qui prend en compte la répartition des variétés dans les territoires, leurs différences génétiques et la diversité génétique au sein de ces variétés (Bonneuil et al., 2012 ; Bonnin et al., 2014). L'analyse de ces données révèle une baisse de la diversité génétique des cultures de blé due à la disparition de la diversité intra-variétale, ainsi qu'une homogénéisation spatiale des différents départements et une augmentation de la proximité génétique des variétés les plus utilisées. Cependant, d'importantes différences ont été observées entre les dynamiques temporelles des départements. Nous souhaitons analyser plus finement ces données pour identifier certains déterminants de ces évolutions et explorer l'effet de la diversité d'une espèce cultivée dominante dans les paysages agricoles sur les services de production et de régulation vis-à-vis de bio-agresseurs à l'échelle spatiale des départements.
<i>Approche / Missions :</i>	<b>1/</b> Dans un premier temps, une analyse de la variabilité de chacune des courbes départementales pour $H_T^*$ sera réalisée, en se focalisant sur la seconde moitié du 20ème siècle et en particulier sur la période 1981-2006, les grandes tendances à l'échelle du siècle ayant déjà été analysées. En particulier, les relations entre l'indicateur et les surfaces des 2 à 5 premières variétés seront

	<p>étudiées afin d'identifier l'origine des fluctuations inter-annuelles de cet indicateur.</p> <p><b>2/</b> L'objectif sera ensuite d'étudier les relations entre l'évolution de la diversité génétique cultivée du blé et différents facteurs d'intensification des pratiques culturales (simplification des rotations, utilisation d'engrais, de pesticides) à l'échelle des départements afin de déterminer dans quelle mesure le niveau de diversité génétique mobilisée dans les paysages est corrélé à ces facteurs ou bien si <math>H_T^*</math> présente des spécificités dans son évolution spatio-temporelle. Ces résultats seront utilisés pour mieux interpréter les relations détectées dans la partie 3.</p> <p><b>3/</b> Il s'agira ici d'étudier les relations entre, d'une part, l'évolution de la diversité génétique cultivée du blé dans les différents départements et, d'autre part, la production et la régulation de certains pathogènes.</p> <p><b>3.1/</b> Le lien entre la diversité génétique cultivée du blé, la production et sa stabilité sera étudié à travers la relation entre <math>H_T^*</math> et rendement ou variabilité inter-annuelle du rendement ou variabilité spatiale du rendement à l'échelle des départements.</p> <p><b>3.2/</b> Le lien entre diversité génétique cultivée du blé et attaques de pathogènes (exemple des rouilles, oïdium,...) sera étudié directement. Ce lien sera également étudié par la recherche des gènes de résistance présents dans les variétés mises en culture, et si possible en estimant la diversité génétique pour ces gènes à l'échelle des départements, et en corrélant cette diversité à la fréquence des virulences et à l'importance des attaques correspondantes.</p>
<b>Références</b>	<p>Bonneuil C, Goffaux R, Bonnin I, Montalent P, Hamon C, Balfourier F &amp; I Goldringer, (2012) A new integrative indicator to assess crop genetic diversity. <i>Ecological Indicators</i> 23: 280–289</p> <p>Bonnin I., Bonneuil C., Goffaux R., Montalent P., I. Goldringer. (2014) Explaining the decrease in the genetic diversity of wheat in France over the 20th century. <i>Agric. Ecosyst. Environ.</i> 195: 183-192.  <a href="http://dx.doi.org/10.1016/j.agee.2014.06.003">http://dx.doi.org/10.1016/j.agee.2014.06.003</a></p>
<b>Profil du candidat</b>	<p>Le/la candidat(e) aura une formation de base et une thèse en agronomie, agroécologie, écologie ou génétique des populations ou quantitative avec de bonnes bases en statistiques et analyse des données. Un goût pour la recherche inter-disciplinaire est indispensable ainsi que de bonnes aptitudes pour la communication et la rédaction scientifique</p> <p>Envoyer CV et lettre de motivation à : <a href="mailto:isa@moulon.inra.fr">isa@moulon.inra.fr</a></p>