

Projet-phare 2

L'utilisation des connaissances en génétique et évolution pour une meilleure compréhension et une amélioration des capacités adaptatives des agroécosystèmes

Axis 1 - Global change drivers: exposure, impacts and feedbacks

Axis 2 - Capacities & limits of adaptation of organisms, ecosystems & societies to global change

Axis 3 - Sustainability and governance of social-ecological systems

Les projets-phares

Project 1: Using knowledge of biosphere-atmosphere interactions in land planning scenarios
centered on axis 1, but relying on interactions with axis 3.

Project 2: Understanding and improving the adaptive capacity of agroecosystems through knowledge of genetics and evolution - focusing on axis 2, but requiring input from axis 1

Project 3: Biodiversity enhancement and management for sustainable social-ecological systems
centered on axis 3, but relying on interactions with axes 1 and 2.

The two remaining flagship projects are largely transversal to all three axes:

Project 4: Toward sustainable development of peri-urban agroecosystems

Project 5: Model integration & multi-scale modelling in SES: from concepts to evolvable coupling tools

Contexte et objectifs

Enjeux

La connaissance des mécanismes et des limites du changement adaptatif des agroécosystèmes en réponse aux changements globaux représente un enjeu crucial en termes de :

- sécurité alimentaire
- protection de la biodiversité
- contrôle des espèces invasives
- émergence de maladies humaines, animales ou végétales.

Contexte et objectifs

Objectifs

Compréhension des mécanismes **génétiques et épigénétiques** qui sous-tendent l'adaptation, en intégrant plusieurs niveaux d'organisation (dynamique des populations, interactions biotiques, fonctionnement des écosystèmes et impact des interventions humaines sur la biodiversité agricole).

Plus spécifiquement, il s'agit de comprendre :

- Comment le changement global influence la sélection des caractères et leur variation adaptative
- Comment les pratiques agricoles et les politiques publiques affectent la sélection et la dispersion de la variation adaptative à travers les agroécosystèmes et les paysages.

Démarche générale

Analyse des composantes héritables et plastiques des caractères adaptatifs pour faire le lien entre (épi)génétique et variation phénotypique.

- Acquisition et exploitation de données massives de séquençage génomique
- Approches multi-caractères / multi-échelles (réseaux de gènes et métaboliques, différents niveaux phénotypiques)
- Prise en compte des interactions avec l'environnement biotique et abiotique : considérer les individus dans leur écosystème
- Effets des facteurs de variation spatio-temporelle : conséquences des changements globaux et de la modification des pratiques agricoles / politiques publiques sur la variation adaptative à travers les agroécosystèmes et les paysages (flux de gènes, dynamique des populations de parasites, ...).

- **Mots-clés** : *Intégration (du gène à l'éco-système) et Interdisciplinarité (mathématiques, biologie, agronomie, sciences du climat, sciences sociales)*

- **Espèces** : *plantes, insectes et microorganismes.*

Les profils prioritaires

I– Renforcer notre capacité à exploiter et interpréter les données massives de séquençage

Faire le lien entre la variation de séquence, variation fonctionnelle, expression des gènes / protéines et adaptation phénotypique. Un goulot d'étranglement est la préparation des données de génomique pour les pipelines existant et l'adaptation de ces pipelines à nos modèles biologiques.

Profil CDD : IE en bioinformatique (recrutement en cours) : recherche de variants structuraux par reséquençage (NGS). Maxi 30 mois. Laboratoire : GV du Moulon (resp. Johann Joets)

Les profils prioritaires

II– Développer et appliquer des modèles qui relient les gènes et les processus démographiques

Comprendre comment la dynamique des populations et la génétique interagissent pour engendrer des signatures d'événements sélectifs ou démographiques passés est essentielle pour l'interprétation des données de génomique et pour prédire les réponses populationnelles au changement global.

Profil de post-doc (à revoir) : Demo-Genetics applied to adaptive changes in agro-ecosystems. 2 ans. Laboratoire : ESE

Remarques

- Les personnes recrutées seront au service d'une communauté plus large que celle du laboratoire où elles seront affectées
- Elles auront également une responsabilité dans l'animation et la coordination

Le projet-phare 2 dans le contexte de BASC

Le projet-phare 2 s'inscrit dans le cadre d'une stratégie plus large d'étude de l'adaptation génétique à une échelle régionale, et pour laquelle deux projets sont en cours sur des espèces cultivées (liens avec le projet-phare 3 et les axes 1 et 2).

- L'un d'entre eux, centré sur les pays en développement, étudie comment diverses pratiques (sélection à la ferme et mode d'utilisation des terres) influencent les interactions entre populations cultivées, adventices ou sauvages en termes de flux de gènes et d'échange de parasites et d'insectes herbivores, et comment ceci influence l'adaptation des cultures aux variations climatiques (projet ANR Plantadiv. T. Robert)
- L'autre concerne des pratiques agricoles plus intensives telle qu'elles sont pratiquées en Europe et étudie la valeur ajoutée, en termes d'adaptation, de la sélection participative (projet européen FP7 SOLIBAM. I. Goldringer).

Actions du projet-phare 2

■ *Management*

- Tandem : Maud Tenailon (GVM) et Stéphane Dupas (LEGS)
- Créer un comité de pilotage.

■ *Recrutements (un IE CDD et un post-doc)*

■ *Budget*

300 k€ pour deux ans. Hors salaires, il reste environ 50 k€

■ *Animation scientifique*

- Ateliers et groupes de réflexion (cf. section « Formation et éducation » du dossier BASC)
- Réunion annuelle (projet 2 -> axe 2 ?)
- Liens avec le RTP « Epigénétique en écologie et évolution » (D. Joly)
- Liens avec les GDR (soumis) « Génomique environnementale » et « Approches interdisciplinaires de l'évolution moléculaire » (cf. axe *Inférences démographiques et sélectives*. M. Tenailon)
- Liens avec le réseau HTS (Techniques de séquençage à haut débit) (M. Harry), financé par le 1^{er} AAP de BASC.

The end