

OPTIMISATION DE LA SÉLECTION RÉCURRENTÉ VIA LA MODIFICATION DE LA RECOMBINAISON CHEZ LE RIZ

OPTIMIZING RECURRENT SELECTION BY MODIFYING RECOMBINATION IN RICE

Date limite de candidature à ce sujet : 06 Juin 2024 – 12h00 (midi)

(modalités en fin de document)

- Filière / spécialité : Biologie Intégrative, Diversité et Amélioration des Plantes (BIDAP), Biologie et Amélioration des Plantes
- Etablissement d'inscription : Université de Montpellier
- Site internet : <https://gaia.umontpellier.fr/>

-
- Unité de Recherche : Institut Amélioration Génétique et Adaptation des Plantes Méditerranéennes et tropicales (AGAP institut)
 - Responsable : Claire Billot
 - Equipe concernée par la thèse : Génétique et Innovation Variétale
 - Adresse : CIRAD, UMR AGAP institut TAA108/03, Avenue Agropolis, 34398 Montpellier cedex
 - Site internet : <https://umr-agap.cirad.fr>

-
- Directeur de thèse : Emmanuel Guiderdoni
 - Courriel : emmanuel.guiderdoni@cirad.fr
 - N° de téléphone : 33 4 67 61 56 29
 - Co-directeur de thèse : Jérôme Bartholomé
 - Courriel : jerome.bartholome@cirad.fr
 - N° de téléphone : +57 3147428449
 - Co-encadrant : Cécile Grenier
 - Co-tutelle : / - /

-
- Titre : OPTIMISATION DE LA SÉLECTION RÉCURRENTÉ VIA LA MODIFICATION DE LA RECOMBINAISON CHEZ LE RIZ

OPTIMIZING RECURRENT SELECTION BY MODIFYING RECOMBINATION IN RICE

- Description :

La sélection végétale est essentielle pour relever les défis de l'agriculture. Les méthodes conventionnelles de sélection impliquent l'identification et le croisement d'individus supérieurs pour les caractères cibles (productivité, qualité, adaptation au changement climatique) afin de créer de nouvelles variétés plus performantes. Cependant, la sélection reste lente en raison de la difficulté à assembler les allèles favorables pour différents caractères au sein d'un même génotype. En effet, le brassage des allèles au cours de la recombinaison méiotique est un processus hautement régulé. On observe en moyenne un à trois crossing-over (CO) par chromosome chez environ 80 % des eucaryotes, quelle que soit la taille du génome. Cela est à mettre en comparaison de la centaine de cassures double brin qui se produisent au cours de la prophase I. Récemment des progrès importants ont été réalisés dans la compréhension des mécanismes moléculaires sous-jacents à la réparation des cassures double brin en COs. Il a été montré que l'inactivation de gènes anti-COs (FANCM, RECQ4) peut conduire à une augmentation de la recombinaison jusqu'à un facteur trois notamment chez le riz sans modifier les caractéristiques de la plante. Des études de modélisation ont montré que l'augmentation de la recombinaison peut améliorer la réponse à la sélection.

Dans le cadre de cette thèse, l'objectif est d'évaluer *in silico* l'impact de l'augmentation de la recombinaison sur l'évolution d'une population soumise à la sélection récurrente. Pour cela, l'étudiant.e travaillera sur le programme de sélection de riz pluvial du CIRAD-CIAT, qui est basé sur l'amélioration de populations synthétiques via la sélection récurrente. Ce travail viendra en complément d'une approche *in-vivo* qui sera conduite au CIAT dans le cadre du projet DivEdit (PEPR Sélection Végétale). L'approche *in silico* permettra de comparer différents scénarii en termes de niveau de modification de la recombinaison et également de caractériser l'effet à long terme de l'incorporation de lignées présentant un niveau de recombinaison plus élevé dans un programme de sélection en termes de gain génétique et de diversité génétique. Des simulations stochastiques seront mises en œuvre pour évaluer l'effet à long terme d'un taux de recombinaison accru dans la population de sélection. Dans un premier temps, l'étudiant.e explorera l'impact du taux de recombinaison (plusieurs niveaux et/ou répartitions) sur les paramètres clés du programme de sélection (gain génétique, variance génétique, distribution des allèles favorables, précision de la prédiction génomique). Le programme de sélection actuel, basé sur la sélection génomique, sera comparé à des stratégies alternatives exploitant des taux de recombinaison plus élevés. Pour cette étape, les résultats de la littérature et les scripts développés par l'équipe (basés sur AlphaSimR et sur les nouveaux outils développés dans le cadre de DivEdit) seront utilisés pour simuler les différents scénarii. Le principal résultat attendu pour cette partie est une meilleure compréhension de l'impact d'un taux de recombinaison plus élevé sur l'évolution d'une population synthétique. Dans un deuxième temps, nous modéliserons plus spécifiquement l'effet de l'intégration de lignées éditées pour un gène anti-COs (RECQ4) dans un programme de sélection. L'objectif sera d'évaluer l'impact de la modification du taux de recombinaison au fil des générations. En effet, nous faisons l'hypothèse que la persistance et le niveau d'expression du système Cas9 varie au sein de la population réceptrice et donc que la proportion d'allèles RECQ4 intacts augmente progressivement au cours des cycles de sélection. Les mêmes paramètres clés (gain génétique, composante de la variance, ...) du programme seront évalués dans cette deuxième partie. Les résultats obtenus dans cette partie permettront une meilleure compréhension de l'apport de l'édition du génome dans le contexte de la sélection récurrente.

Cette thèse s'intègre dans le projet DivEdit (Augmenter la diversité génétique dans les programmes de sélection par l'utilisation de l'édition du génome) du PEPR Sélection végétale. Elle contribuera au module de recherche intitulé : l'édition du génome pour augmenter la recombinaison chez le riz: application en sélection. L'équipe en charge de ce module a une expertise en génétique moléculaire chez le riz et dans la gestion de programmes de sélection intégrant la sélection génomique. En effet, l'équipe a ciblé avec succès plusieurs gènes impliqués dans le processus de recombinaison et a montré qu'une seule mutation sur RECQ4 peut multiplier par trois le nombre de croisements. L'équipe mène également le programme de sélection Cirad-CIAT depuis plus de 10 ans avec des travaux récents sur l'optimisation des stratégies de sélection. Le programme de sélection CIRAD-CIAT pour le riz pluvial (*Oryza sativa* ssp. Japonica tropical) servira de cadre pour cette étude. Il présente trois avantages importants : i) le riz est à la fois une culture alimentaire cruciale et une espèce modèle pour laquelle l'efficacité de l'édition du génome est élevée, ii) le programme de sélection est basé sur des populations synthétiques qui ségrége pour un gène récessif de stérilité mâle (*ms*) facilitant l'intégration de nouveau matériel et iii) le partenariat avec le CIAT permet un ancrage terrain fort et une utilisation concrète des résultats qui seront obtenus pendant la thèse. Dans le cadre de ce projet nous travaillerons plus spécifiquement sur une population qui intégrera des donneurs pour la tolérance au stress hydrique

Mieulet D, Aubert G, Bres C, Klein A, Droc G, Vieille E, et al. Unleashing meiotic crossovers in crops. *Nat Plants*. 2018 Dec 1;4(12):1010–6.

Baertschi C, Cao TV, Bartholomé J, Ospina Y, Quintero C, Frouin J, et al. Impact of early genomic prediction for recurrent selection in anupland rice synthetic population. *G3 GenesGenomesGenetics*. 2021 Dec 1;11(12):jkab320.

Fayos I, Frouin J, Meynard D, Vernet A, Herbert L, Guiderdoni E. Manipulation of Meiotic Recombination to Hasten Crop Improvement. *Biology*. 2022 Mar;11(3):369.

Pereira de Castro A, Brescghello F, Furtini IV, Utumi MM, Pereira JA, Cao TV, et al. Population improvement via recurrent selection drives genetic gain in upland rice breeding. *Heredity*. 2023 Sep 1;131(3):201–10.

Baertschi C, Covarrubias-Pazaran G, Werner C, Grenier C, Bartholomé J. Rapid genomic recurrent selection as a tool to increase the rate of genetic gain: a simulation study on rice. In prep.

- [English description](#) :

Plant breeding is crucial to tackle the challenges of agriculture. The traditional breeding methods involve crossing superior individuals with desired traits such as productivity, quality, and adaptability to climate change to create new, improved varieties. However, the selection process is slow because it is difficult to assemble favorable alleles for different traits within the same genotype. This is due to the highly-regulated process of combining alleles during meiotic recombination. On average, eukaryotes have about one to three crossing-overs per chromosome, regardless of genome size, which is lower than the hundred or so double-strand breaks that occur during prophase I. Recently, it has been discovered that deactivating anti-COs genes (FANCM, RECQ4) can increase recombination up to three times, especially in rice, without affecting the plant's characteristics. Modeling studies indicate that increasing recombination can improve response to selection.

The objective of this thesis is to evaluate the impact of increased recombination on the evolution of a population under recurrent selection, using an in-silico approach. The student will work on the CIRAD-CIAT rainfed rice breeding program, which is based on the improvement of synthetic populations through recurrent breeding. The in-silico approach will complement an in-vivo approach conducted at CIAT as part of the DivEdit project (PEPR Sélection Végétale). The in-silico approach will enable the comparison of different scenarios in terms of recombination modification and characterization of the long-term effect of incorporating lines with a higher level of recombination into a breeding program in terms of genetic gain and genetic diversity. Stochastic simulations will be implemented to assess the long-term effect of an increased recombination rate in the breeding population. Firstly, the student will explore the impact of the recombination rate on the breeding program's key parameters, such as genetic gain, genetic variance, distribution of favorable alleles, and accuracy of genomic prediction. The current breeding program, based on genomic selection, will be compared with alternative strategies that exploit higher recombination rates. To simulate the different scenarios, the team will use literature results and scripts developed by the team based on AlphaSimR and new tools developed in the framework of DivEdit. The main objective of this part is to have a better understanding of the impact of a higher recombination rate on the evolution of a synthetic population. In the second part, the effect of integrating lines edited for an anti-COs gene (RECQ4) in a breeding program will be modeled more specifically. The objective is to assess the impact of the change in the recombination rate across generations. It is hypothesized that the persistence and expression level of the Cas9 system vary within the recipient population, and the proportion of intact RECQ4 alleles gradually increases during selection cycles. The same key parameters of the program will be evaluated in this part. The results will allow for a better understanding of the contribution of genome editing in the context of recurrent breeding.

- **Compétences souhaitées** : Formation en génétique et amélioration des plantes avec une bonne connaissance de la génétique quantitative. Bon niveau en programmation (R ou autre langage). Aptitude pour le travail en équipe. Une expérience sur le riz serait un plus.
 - **Skills needed** : *Training in genetics and plant breeding with a good knowledge of quantitative genetics. Good level of programming (R or other language). Ability to work in a team. Some prior knowledge on rice would be a plus.*
 - **Type de financement** : Contrat doctoral
 - **Source de financement** : Cirad et projet ANR PEPR Sélection Végétale DIVEDIT 2023_2027
-

-
- Date de début de la thèse : 01/10/2024
-
-

-
-

Voir les modalités de candidature sur le site : [de l'ED / pages futur doctorant](#)

Extrait des modalités : *Les candidatures seront à envoyer par mail à Magali Dufour (magali.dufour@cirad.fr), Gabriel Denis (gabriel.denis@cirad.fr) et au Directeur de thèse (coordonnées sur le sujet de thèse), en précisant le sujet de thèse et en y joignant les pièces suivantes: CV, lettre de motivation, notes complètes de L1 à L3, Master M1 et M2 (ou équivalent si cursus Ingénieur). Aucune lettre de recommandation n'est acceptée.*