

Appel à projets Recherche 2009

Présentation du projet

Dossier à retourner impérativement avant le lundi 23 mars 2009 à 12 heures

N°dossier :

(cadre réservé à la Région)

I - FICHE D'IDENTITE DU PROJET

Titre : *Modélisations mathématiques appliquées à la biologie du végétal.*

Acronyme : MODEMAVE

Dépôt d'une demande de soutien dans le cadre :

- du volet « développement des thématiques structurées et des spécialités scientifiques »
- du volet « émergence collective »
- du volet « paris scientifiques régionaux »

Thématique scientifique

- | | |
|--|--|
| <input type="checkbox"/> Santé | <input checked="" type="checkbox"/> Mathématiques |
| <input checked="" type="checkbox"/> Agroalimentaire, nutrition et végétal | <input type="checkbox"/> Physique subatomique |
| <input type="checkbox"/> Transformations humaines et sociales (SHS) | <input type="checkbox"/> Planétologie et géosciences |
| <input type="checkbox"/> Matériaux | <input type="checkbox"/> Acoustique |
| <input type="checkbox"/> Sciences et technologies de l'information et de la communication (STIC) | <input type="checkbox"/> Ville et territoire |
| <input type="checkbox"/> Génie civil | <input type="checkbox"/> Mer et littoral |
| | <input type="checkbox"/> Energies durables |

PORTEUR DU PROJET (centre de recherche qui assume la responsabilité du projet)

Nom du laboratoire/équipe de recherche : Laboratoire Angevin de REcherche en MATHématiques
LAREMA UMR CNRS 6093

Etablissement de rattachement : Université d'Angers

Coordinateur scientifique du projet :

Nom : CHAUMONT Prénom : Loïc
Titre/fonction : Professeur
Coordonnées (tél/mail/adresse) : Université d'Angers – LAREMA
2, Boulevard Lavoisier
Angers 41045 Cedex 01
Tél : 02 41 73 50 28 Courriel : loic.chaumont@univ-angers.fr

Estimation du « poids » du présent projet dans l'activité de recherche du laboratoire : Le LAREMA comprend 30 membres enseignants-chercheurs, un ingénieur de recherche CNRS, une secrétaire CNRS et une adjointe administrative BIATOSS. Ce projet impliquera 5 membres enseignants-chercheurs en mathématiques appliquées.

PARTENAIRES PRINCIPAUX

Partenaire 2

Nom du laboratoire/équipe de recherche : UMR 77 PaVé - Pathologie Végétale, Equipe 2EPF
(Ecologie Evolutive des Pathosystèmes Fongiques)

Etablissement de rattachement : AGROCAMPUS-OUEST Centre d'Angers - INRA - Université d'Angers

Estimation du « poids » du présent projet dans l'activité de recherche du laboratoire : Ce projet implique l'ensemble des scientifiques et Assistant Ingénieur de l'équipe 2EPF, soit 5 personnes

Partenaire 3

Nom du laboratoire/équipe de recherche : UMR Génétique et Horticulture – GenHort

Etablissement de rattachement : AGROCAMPUS-OUEST Centre d'Angers - INRA - Université d'Angers

Estimation du « poids » du présent projet dans l'activité de recherche du laboratoire : Ce projet concerne environ 15% des personnels de l'axe « diversité génétique » de l'UMR, soit 4 personnes.

PARTENAIRES ASSOCIES

Partenaire associé

Nom du laboratoire/équipe de recherche : Laboratoire d' Ingénierie des Systèmes Automatisés - LISA

Etablissement de rattachement : Université d'Angers

Nombre de personnes impliquées dans ce projet (en équivalent temps plein : moyenne ETP/an)

Ce tableau doit inclure les doctorants / post-doctorants dont le financement est demandé dans le présent dossier.

| Partenaire 1 - LAREMA | | | | |
|------------------------------|------------------------------|-------------------------|-------------------------|---|
| Nom Prénom | Unité de rattachement | Discipline | Statut et grade* | temps de recherche consacré au projet (ETP)* |
| Loïc Chaumont | LAREMA | Probabilités | PU | 0,5 |
| Eric Delabaere | LAREMA | Systèmes dynamiques | PU | 0,2 |
| Piotr Graczyk | LAREMA | Analyse et probabilités | PU | 0,2 |
| Besnik Pumo | LAREMA | Statistique | PU | 0,4 |
| Lioudmila Vostrikova | LAREMA | Probabilités | PU | 0,2 |

Sous total : 1,5 ETP

| Partenaire 2 - PaVé | | | | |
|----------------------------|------------------------------|---------------------|-------------------------|---|
| Nom Prénom | Unité de rattachement | Discipline | Statut et grade* | temps de recherche consacré au projet (ETP)* |
| Valérie Caffier | PaVé | Phytopathologie | CR | 0,2 |
| Fédérique Didelot | PaVé | Phytopathologie | AI | 0,2 |
| Bruno Le Cam | PaVé | Phytopathologie | CR | 0,2 |
| Christophe Lemaire | PaVé | Génétique | MCF | 0,3 |
| Natalia Sapoukhina | PaVé | Systèmes dynamiques | CR | 0,4 |

Sous total : 1,3 ETP

| Partenaire 3 - GENHORT | | | | |
|-------------------------------|------------------------------|-------------------|-------------------------|---|
| Nom Prénom | Unité de rattachement | Discipline | Statut et grade* | temps de recherche consacré au projet (ETP)* |
| Charles-Eric Durel | GENHORT | Génétique | DR | 0,1 |

| | | | | |
|-----------------------|----------------|------------------|------------------|-------------|
| Valéry Malécot | GENHORT | Botanique | MCF | 0,25 |
| Didier Peltier | GENHORT | Génétique | MCF - HDR | 0,2 |
| Alix Pernet | GENHORT | Génétique | IR | 0,3 |

Sous Total : 0,85 ETP

Note : V. Malécot est affiché à 0.25 ETP dans ce projet et à 0.25 dans le projet collaboratif BRIO présenté au FUI, afin de respecter les 0.5 ETP par enseignant chercheur et compte-tenu du fait que les deux projets sont fortement liés pour ce qui le concerne.

| Partenaire associé - LISA | | | | |
|----------------------------------|------------------------------|----------------------------|-------------------------|---|
| Nom Prénom | Unité de rattachement | Discipline | Statut et grade* | temps de recherche consacré au projet (ETP)* |
| Jean-Claude Jolly | LISA | Systèmes dynamiques | MCF | 0,2 |
| Laurent Autrique | LISA | Automatique | PU | 0,2 |

Sous total : 0,4 ETP

| Contrats doctorants et postdoctorants répartis sur 4 ans | | | | |
|---|------------------------------|-------------------------|-------------------------|--|
| | Unité de rattachement | Discipline | Statut et grade* | temps de recherche consacré au projet |
| Candidats recrutés au cours du projet | LAREMA PaVé | Biomathématiques | Doctorant | 100% = 0,75 ETP |
| | LAREMA PaVé | Biomathématiques | Doctorant | 100% = 0,75 ETP |
| | LAREMA GENHORT | Biomathématiques | Post-doctorant | 100% = 0,25 ETP |
| | LAREMA GENHORT | Biomathématiques | Post-doctorant | 100% = 0,25 ETP |

Sous total : 2 ETP

Note : l'ETP des doctorants et postdoctorants est rapporté à la durée totale du projet, soit $1 \times 3/4 = 0,75$ pour les doctorants et $1 \times 1/4 = 0,25$ pour les post-doctorants.

Total : 20 membres dont 5 au LAREMA, 5 au PaVé, 4 à GENHORT, 2 au LISA, 2 doctorants et 2 postdoctorants. Leur activité dans ce projet représente un total de 6,05 ETP.

*Statut et grade : chercheurs, enseignants chercheurs permanents, doctorants, post doctorants, étudiants, ingénieurs, techniciens...

(Précisez PU, MCF, MCF-HDR, DR, CR, etc.)

* ETP : pour les enseignants-chercheurs, l'équivalent temps plein doit être précisé en considérant à la fois son temps de recherche et son temps d'enseignement. Par exemple, un enseignant-chercheur qui consacrerait tout son temps de recherche sur le projet serait impliqué à hauteur de 0,5 ETP.

II - RESUME DU PROJET (1 page maximum)

Attention ce résumé sera être mis en ligne sur le site internet de la Région en cas de financement du projet. Il devra donc être lisible par un public non averti.

Contexte : Nous proposons un projet de recherche qui rassemble deux grands champs scientifiques : la modélisation mathématique et la biologie du végétal.

Les travaux réalisés par les biologistes concernés par le végétal spécialisé à Angers (et rattachés à l'IFR QUASAV et aux UMR PaVé et GENHORT), nécessitent régulièrement de disposer d'outils de choix ou d'optimisation, par exemple afin de choisir des parents pour obtenir telle caractéristique dans la descendance ou afin de choisir telle disposition dans un verger afin de limiter (ou de favoriser) tel processus (en particulier limiter la dispersion d'une maladie). Ces choix se basent sur des données nombreuses, généralement quantitatives et parfois d'ordre qualitatif. Pour répondre à ces questions d'un point de vue mathématique, des outils propres aux systèmes dynamiques, à la théorie des probabilités (en particulier les théories probabilistes du branchement et de la coalescence) et aux statistiques sont tout à fait adaptés et sont déjà développés sur un plan théorique par les mathématiciens du Laboratoire Angevin de Recherches en Mathématiques (LAREMA). L'équipe *Mathématiques et Applications* du LAREMA se propose de travailler en étroite collaboration avec les chercheurs des unités PaVé et GENHORT afin d'établir de nouveaux modèles mathématiques s'appliquant directement à ces problèmes.

Objectifs Le projet de recherche présenté vise à apporter des solutions mathématiques à trois questions (trois axes) relevant du domaine de la sélection variétale ou de la protection des cultures, et donc à accroître l'efficacité de la recherche dans ces domaines.

Le premier axe consiste à déterminer quelle est la meilleure combinaison entre deux types de gènes de résistance (résistance qualitative et résistance quantitative) pour conférer à la variété qui la porte une plus grande durabilité de résistance face au potentiel évolutif de l'agent pathogène responsable de la maladie. Des modèles mathématiques permettront de comprendre et d'intégrer la manière dont les deux types de gènes (qualitative et quantitative) interagissent et éventuellement se potentialisent face à la maladie. Les stratégies optimales de création variétale issues de ces modèles devraient permettre d'éviter l'élaboration très coûteuse en temps et en argent d'un grand nombre de nouvelles variétés à résistance peu durable pour ne retenir que celles proposées par le modèle.

L'objectif du second axe est de modéliser le processus épidémique de la tavelure dans un verger de pommier afin d'aider à la compréhension de ce phénomène. L'étude sera basée sur les modèles spatio-temporels et se situe dans le prolongement des travaux sur les modèles de même type concernant la dispersion des populations à une seule espèce. Afin de rendre le modèle plus réaliste dans cette étude on vise à concevoir et analyser un modèle prenant en compte l'hétérogénéité spatiale.

L'objectif du troisième axe de recherche est de rassembler les aspects mathématiques dont les applications sont utilisables dans les démarches de sélection variétale, en particulier de ligneux d'ornement. Les récents développements de la théorie de la coalescence en probabilités seront appliqués à la modélisation de l'ascendance des cultivars actuels. Les modèles obtenus permettront d'effectuer de nouveaux croisements avec une efficacité supérieure à celle des méthodes classiques.

Résultats attendus Les principaux résultats attendus concernent des développements de nouveaux modèles mathématiques permettant une meilleure efficacité dans la création variétale et une meilleure connaissance des processus épidémiques des maladies. L'étape inhérente à cette phase de recherche fondamentale sera la réalisation de programmes utilisant des langages tels que C++, Delphi, Matlab, R, MAPLE.

Les résultats issus de ce projet seront mis en évidence en premier lieu sous formes de publications dans des revues internationales de haut niveau, spécialisées en modélisation biomathématique telles que *Journal of Theoretical Biology*, *Journal of Mathematical Biology*, *Mathematical Biosciences*, *The American Naturalist*,... mais aussi dans des revues de biologie, d'écologie et de phytopathologie telles que *Journal of Applied Ecology*, *Phytopathology*, *Theoretical Ecology*... Les résultats issus de problèmes d'ordre plus théoriques soulevés par les modèles étudiés pourront être publiés dans des revues généralistes de mathématiques appliquées telles que *Stochastic Processes and their Applications*, *Advances in Applied Probability*, *Statistics*,...

Méthodologie A partir des trois questions biologiques soulevées dans ce projet, des modèles mathématiques devront être formulés. Ceux-ci seront ensuite confrontés aux résultats expérimentaux par des simulations. La conception des modèles mathématiques utilisera les champs disciplinaires suivants :

- systèmes dynamiques (équations aux dérivées partielles et ordinaires),
- probabilités et statistique (modèles de coalescence et branchement aléatoire et plus généralement de réseaux stochastiques, outils statistiques permettant d'inférer certaines lois de répartition spatio-temporelle)

et conduira à l'élaboration de programmes informatiques utilisant les langages C++, Delphi, Matlab, Maple, R.

III -FINANCEMENT SOLLICITE AUPRES DE LA REGION DES PAYS DE LA LOIRE
APPEL A PROJETS RECHERCHE 2009

Acronyme du projet : MODEMAVE

Durée et calendrier du projet :

La réalisation du projet s'étalera sur 4 ans, de septembre 2009 à septembre 2013. Chacun des trois axes de recherche décrits plus haut et ci-après débiteront à partir de cette date.

| | 2009-2010 | 2010-2011 | 2011-2012 | 2012-2013 |
|--|-----------|-----------|-----------|-----------|
| Thèse de doctorat (Axe de recherche N° 1) | | | | |
| Thèse de doctorat (Axe de recherche N° 2) | | | | |
| 1 ^{er} séjour postdoctoral (Axe N° 3) | | | | |
| 2 nd séjour postdoctoral (Axe N° 3) | | | | |
| Workshops | | Juin 2010 | | Juin 2012 |
| Réunions du comité de pilotage | | Juin 2010 | | Juin 2012 |

Estimation du coût SUPPLEMENTAIRE du projet (TTC) : 71 000 Euros

Ne sont pas éligibles à un financement régional les salaires des personnels permanents des laboratoires. A noter que la convention de financement sera établie sur la base de ce montant de dépenses.

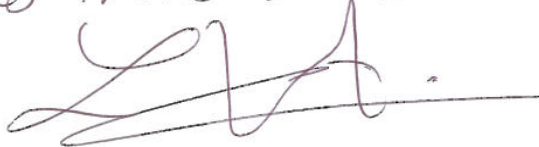
Montant total de l'aide demandée à la région des Pays de la Loire (TTC) : 300 000 Euros

Visa du Coordinateur scientifique du projet :

Nom, prénom, date et signature du coordinateur du projet avec la mention « lu et approuvé »

CHAUMONT Loïc

20 mars 2009



Lu et approuvé.

Visa et avis circonstancié du Responsable du Centre de Recherche/Laboratoire

Ce projet en direction des mathématiques appliquées s'inscrit parfaitement dans la politique de développement du LAREMA. Il fait appel à des collaborations au sein du pôle végétal (Université d'Angers, INRA, INH) et favorise l'émergence du pôle Math-STIC.

Je donne un avis très favorable à ce projet.

Nom, prénom, date et signature du responsable de l'organisme, avec la mention « lu et approuvé »

lu et
approuvé

LOEB Jean-Jacques, 20/03/09

(dir. dir. du LAREMA)



UNIVERSITE D'ANGERS
UFR SCIENCES
Département de Mathématiques
LAREMA UMR 6093 - CNRS
2 Bd Lavoisier
49145 ANGERS Cedex
Tél. : 33 (0)2 41 73 52 62 / 53 94
Fax : 33 (0)2 41 73 54 54

**Direction de la recherche,
de la formation doctorale et de la valorisation**

Affaire suivie par : Bénédicte GIRAULT
Tel: 02.41.96.22.40
Fax de la Recherche : 02.41.96.23.67

**Région Pays de la Loire
Appel à projet Recherche 2009**

Acronyme du projet : **MODEMAVE**


Avis circonstancié :

Ce projet associe des partenaires du Pôle Math-STIC et du Pôle Végétal.

A travers sa pluridisciplinarité, outre l'organisation de workshops et autres manifestations, une retombée possible, élargie à l'échelle régionale pourrait être l'étude de la mise en place d'un Master "Biologie-Mathématiques" répondant ainsi aux besoins croisés de la recherche.

AVIS TRES FAVORABLE

Fait à Angers, le 17 mars 2009

Lu et approuvé


Jean-Louis FERRIER
Vice-Président du Conseil Scientifique

IV - PRESENTATION PLUS DETAILLEE DU COORDINATEUR SCIENTIFIQUE ET DES PARTENAIRES AU PROJET

Il est laissé, au coordonnateur scientifique, le choix de mentionner les publications les plus significatives au regard du projet présenté et qui permettront lors de l'évaluation du projet d'apprécier la qualité scientifique des travaux menés par les partenaires impliqués dans le projet.

NB : Les partenaires associés sont les partenaires scientifiques dont l'implication dans le présent projet est relativement faible, soit en termes de temps de travail, soit en termes de part des financements.

| | |
|---------------------|---------------|
| Partenaire 1 | LAREMA |
|---------------------|---------------|

A : Coordinateur scientifique

| | | | |
|-----|----------|---------------|------------------------------------|
| Nom | CHAUMONT | Prénom : Loïc | Grade : Professeur des universités |
|-----|----------|---------------|------------------------------------|

Emploi actuel : Professeur à l'Université d'Angers

Temps mensuel consacré au projet : 75 heures

Responsabilité dans le projet : Coordinateur scientifique du projet. Collaboration scientifique avec les membres des unités PaVé et GenHort.

Directeur d'une thèse ayant pour sujet : « Modélisation de l'impact de la structure génétique de l'hôte sur l'évolution du pathogène : application à la construction de variétés durablement résistantes »

Expériences professionnelles :

2006- : Professeur au LAREMA, Université d'Angers.

1995-2006 : Maître de Conférences au laboratoire de probabilités de l'Université Paris 6.

2003-2007 : Directeur de thèse de Juan Carlos Pardo (actuellement post-doctorant à l'Université de Bath – UK).

Depuis 1995 : Encadrement de plusieurs mémoires de DEA et stages de Master.

publications (ou brevets) les plus significatives des cinq dernières années

- On the genealogy of conditioned stable Lévy forests. (Avec J.C. Pardo)
Article à paraître dans la revue ALEA, (2009).
- Invariance principles for random walks conditioned to stay positive. (Avec F. Caravenna)
Annales de l'Institut Henri Poincaré, (2008).
- On some transformations between positive self-similar Markov processes (Avec V.Rivero)
Stochastic Process. Appl., 117, no. 12, 1889--1909, (2007).
- The lower envelope of positive self-similar Markov processes. (Avec J.C Pardo)
Electron. J. Probab. Vol. 11, (2006), No. 49, 1321--1341.
- Weak convergence of positive self similar Markov processes and overshoots of Lévy processes. (Avec M.E. Caballero) Ann. Probab. Vol. 34, No. 3, 1012-1034, (2006).
- On a fluctuation identity for random walks and Lévy processes (Avec L. Alili and R.A. Doney) Bull. London Math. Soc. 37, (2005), 141-148.

Autres participants du centre de recherche du coordinateur scientifique :

Membre A - 1

| | | | |
|--|-----------|---------------|------------------------------------|
| Nom | DELABAERE | Prénom : Eric | Grade : Professeur des universités |
| Emploi actuel : Professeur à l'Université d'Angers | | | |
| Temps mensuel consacré au projet : 30 heures | | | |
| Responsabilité dans le projet : Participation à l'axe de recherche N° 1 : « Durabilité des résistances multi-géniques » | | | |
| Expériences professionnelles : | | | |
| 1989-2000 : Chargé de recherche au CNRS | | | |
| 2000-2009 : Professeur à l'Université d'Angers. | | | |
| 1999-2002 : Direction de thèse de Trinh Duc Tai (actuellement Vice-directeur de l'équivalent d'un IUFM à Dalat, VietNam) | | | |
| 2002-2006 : Direction de thèse de Jean-Marc Raosoamanana (actuellement en poste à l'IUT d'Angers) | | | |
| 2005-2007 : cours-td-tp en Master 1 en "Analyse numérique et EDP". Des aspects de modélisations sont présents dans ce cours. | | | |
| publications (ou brevets) les plus significatives des cinq dernières années | | | |
| <ul style="list-style-type: none">• Delabaere E., Addendum to the hyperasymptotics for multidimensional integrals. <i>Contemp. Math.</i> 373 (2005), 177—190.• Delabaere E., J.-M. Rasoamanana, Resurgent deformations for an ODE of order 2. <i>Pacific Journal of Mathematics</i> 223 (2006), no 1, 35-93.• Delabaere E., M. Loday-Richaud (eds), <i>Asymptotic Theories and Painlevé Equations</i>. Actes du Colloque d'Angers, 01-05 Juin 2004. Séminaires et Congrès - SMF (2006).• Delabaere E., On a reduction theorem near a simple turning point. In « Algebraic Analysis of Diff. Equations -from Microlocal Analysis to Exponential Asymptotics», Proc. of the Conference in honor of Prof. Takahiro Kawai on the occasion of his sixtieth birthday, July 7-14, 2005, Kyoto University. Springer-Verlag, 2008, 101-117.• Delabaere E., J.-M. Rasoamanana, Sommatation effective d'une somme de Borel par séries de factorielles. <i>Ann. Inst. Fourier</i> 57 (2007), no. 2, 421-456. | | | |

Membre A - 2

| | | | |
|--|---------|----------------|------------------------------------|
| Nom | GRACZYK | Prénom : Piotr | Grade : Professeur des universités |
| Emploi actuel : Professeur à l'Université d'Angers | | | |
| Temps mensuel consacré au projet : 30 heures | | | |
| Responsabilité dans le projet : Participation à l'axe de recherche N° 2 : « Phénomènes spatio-temporels en pathologie végétales ». Appui scientifique sur les aspects probabilistes. | | | |
| Expériences professionnelles : | | | |
| 1995-2003 : Maître de Conférences au département de mathématiques de l'Université d'Angers. | | | |

2003 - : Professeur au département de mathématiques de l'Université d'Angers.
 2002-2006 : Directeur de thèse de Tomasz Jakubowski (actuellement MCF à l'Ecole Polytechnique de Wroclaw, Pologne)
 2006- : Directeur de thèse de Cristina Balderrama
 Depuis 1995 : Encadrement de plusieurs stages de DEA et Master.

publications (ou brevets) les plus significatives des cinq dernières années

- Moments of Wishart Processes via Itô Calculus (avec L. Vostrikova), à paraître dans Prob.Theory Appl., 2008.
- Poisson kernels of half-spaces in real hyperbolic spaces, (avec T. Byczkowski et A. Stos), Revista Mat. Iberoam.23(2007), 85-126.
- A formula for polynomials with Hermitian matrix argument, (avec C. Balderrama et W. Urbina), Bull.Sc.Math. 129(2005), 486-500.
- Analysis of Ornstein--Uhlenbeck and Laguerre Stochastic Processes (avec T. Jakubowski) Ecole CIMPA -- Venezuela "Familles Orthogonales et Semi-groupes en Analyse et Probabilités", Mérida, 2006, à paraître dans Séminaires et Congrès, Editions SMF, PARIS, 2008
- Exit times and Poisson kernels of the Ornstein--Uhlenbeck diffusion (avec T. Jakubowski), à paraître dans Stochastic Models, 2008.

Membre A - 3

Nom PUMO Prénom : Besnik Grade : PR (MAP)

Emploi actuel : Professeur à à Agrocampus Ouest – Centre d'Angers

Temps mensuel consacré au projet : 60 heures

Responsabilité dans le projet : Direction d'une thèse « Modélisation et inférence statistique de phénomènes spatio-temporels. Application au développement spatio-temporel de la tavelure du pommier » et appui scientifique sur les aspects statistiques pour les deux autres axes.

Expériences professionnelles :

1984-1993 : Chargé de recherches INIMA Tirana
 1993-1997 : Maître de Conférences Associé Agrocampus Rennes.
 1997-2008 : Maître de Conférences INH Angers
 2008-2009 : Professeur Agrocampus Ouest – Centre d'Angers
 2003-2007 : Encadrement de thèse de Céline Turbillon (Processus moyennes mobiles hilbertiennes) et de plusieurs stages DEA ou Master

publications (ou brevets) les plus significatives des cinq dernières années :

- The ARHD model (Coll. A. Mas) J. Stat. Plan. Inf, Vol. 137(2), 538—553 (2007)
- Space-time estimation of a particle system model. (Avec X. Guyon) Statistics, Volume 41, No. 5, 395-407 (2007)
- Asymptotic results for the MPL estimators of the CP of order p. Comm. in Statistics: Theory and methods, Volume 36, Issue 14, 2493-2508 (2007)
- Estimation du paramètre des moyennes mobiles hilbertienne (Coll. D. Bosq D., J.M. Marion, C. Turbillon), C.R. Acad. Sci. Paris, Ser. I, 346, 347-350 (2008)
- Fonctionnal linear regression with derivatives (Coll. A. Mas). J. of Nonparametric Statistics, 21 (1) 19-40 (2009)

Membre A – 4

| | | | |
|-----|------------|--------------------|------------------------------------|
| Nom | Vostrikova | Prénom : Lioudmila | Grade : Professeur des universités |
|-----|------------|--------------------|------------------------------------|

Emploi actuel : Professeur à l'Université d'Angers

Temps mensuel consacré au projet : 30 heures

Responsabilité dans le projet : Participation à l'axe de recherche N° 3 : « Application des théories du branchement et de la coalescence à l'étude phylogénétique de certains de végétaux en vue de leur sélection variétale. »

Expériences professionnelles :

1975-1983 : Chercheur à l'Université de Moscou.

1983-1989 : Chercheur à l'Université de Budapest.

1989-1990 : ATER à l'Université de Rennes 1.

1990-1992 : Maître de Conférences à l'Université de Rennes 2.

1992- : Professeur à l'Université d'Angers.

publications (ou brevets) les plus significatives des cinq dernières années :

- Graczyk, P.; Vostrikova, L. The moments of Wishart processes via Itô calculus. *Teor. Veroyatn. Primen.* 51 (2006), no. 4, 732--751.
- Gasbarra, Dario; Valkeila, Esko; Vostrikova, Lioudmila Enlargement of filtration and additional information in pricing models: Bayesian approach. *From stochastic calculus to mathematical finance*, 257--285, Springer, Berlin, 2006.
- Shiryayev, A. N.; Valkeila, E.; Vostrikova, L. On lower and upper functions for square integrable martingales. *Tr. Mat. Inst. Steklova* **237** (2002), Stokhast. Finans. Mat., 290--301; translation in *Proc. Steklov Inst. Math.* **2002**, no. 2 (237), 281—292
- Vostrikova L. On regularity properties of Bessel flow. *Prépublication*, 2006.

Partenaire 2**PaVé****B : Responsable scientifique**

| | | | |
|-----|------------|------------------|-------------|
| Nom | SAPOUKHINA | Prénom : Natalia | Grade : CR2 |
|-----|------------|------------------|-------------|

Emploi actuel : Chargée de Recherches à l'INRA, centre Angers-Nantes.

Temps mensuel consacré au projet : 60 heures

Responsabilité dans le projet : Responsable scientifique du partenaire N° 2.

Co-encadrement d'une thèse de l'axe de recherche N°1: «Modélisation de l'impact de la structure génétique de l'hôte sur l'évolution du pathogène: application à la construction de variétés durablement résistantes». Appui scientifique sur la modélisation mathématique.

Expériences professionnelles :

1997-1999 : Lecturer, Rostov College of Communication and Computer Sciences,
Rostov-on-Don, Russia

1999-2004 : CR2, Laboratory of Mathematical Modeling of Biological Processes,

Research Institute of Mechanics and Applied Mathematics, Rostov State University, Rostov-on-Don, Russia
 2000-2001 : Teaching Assistant, Department of Applied Mathematics, Rostov State University, Rostov-on-Don, Russia
 2002-2003 : Senior Lecturer, Department of Applied Mathematics, Rostov State University, Rostov-on-Don, Russia
 2002-2004 : Recherche Postdoctoral, UMR Epidémiologie végétale et écologie des populations INAPG-INRA
 Depuis 2004 : CR2, UMR 077 Pathologie Végétale, INRA-Angers-Nantes

publications (ou brevets) les plus significatives des cinq dernières années

- Sapoukhina, N., Durel, Ch.-E., Le Cam, B. 2009. Spatial deployment of gene-for-gene resistance governs evolution and spread of pathogen populations. *Theoretical Ecology*. DOI: 10.1007/s12080-009-0045-5 (in press)
- Sapoukhina N. Yu., Tyutyunov Yu. V., Arditi R. 2003. The role of prey-taxis in biological control: a spatial theoretical model. *The American Naturalist*, 162(1): 61-76.
- Sapoukhina N., Kessel, G., Pinnschmidt, H.O., Durel, Ch.-E. 2008. A mathematical approach towards durable deployment of host resistance. In: *ENDURE 2008, Diversifying Crop Protection*, La Grande-Motte, France. O. 60.
- Sapoukhina N., Ch.-E. Durel, B. Le Cam. 2008. Modeling spatial deployment of gene-for-gene resistance. In: *9th International Congress of Plant Pathology*, Torino, Italy. *Journal of Plant Pathology*, 90 (2, Supplement), P. 170.
- Sapoukhina N., Ch.-E. Durel, B. Le Cam. 2007. Pathogen invasion assisted by evolution: a spatially explicit model for a multilocus gene-for-gene system. In: *II International symposium on dynamical systems theory and its applications to biology and environmental sciences*. Hamamatsu, Japan. P. 109.

Membre B - 1

| | | |
|--|------------------|-------------|
| Nom CAFFIER | Prénom : Valérie | Grade : CR1 |
| Emploi actuel : Chargée de Recherches à l'INRA, centre Angers-Nantes. | | |
| Temps mensuel consacré au projet : 30 heures | | |
| Responsabilité dans le projet : Apport de données biologiques sur le développement spatio-temporel de la tavelure du pommier | | |
| Expériences professionnelles : | | |
| 1996-1998 : Chargée de recherche à l'INRA de Grignon sur l'oïdium de l'orge | | |
| 1998-2004 : Chargée de recherches à l'INRA d'Angers (UMR PaVé) sur l'oïdium du pommier | | |
| Depuis 2004 : Chargée de recherches à l'INRA d'Angers (UMR PaVé) sur la tavelure du pommier | | |
| Depuis début 2008 Co-encadrante de la thèse de A. Lê Van (Durabilité de la résistance du pommier à la tavelure). | | |
| Publications (ou brevets) les plus significatives des cinq dernières années : | | |
| • Caffier V, Didelot F, Orain G, Lemarquand A, Parisi L, 2009. Efficiency of association of | | |

scab control methods on resistance durability of apple : the case study of cultivar Ariane. IOBC wprs Bulletin (sous presse).

- Didelot F, Caffier V, Baudin M, Orain G, Lemarquand A, Parisi L, 2009. Integrating scab control methods with partial effects in apple orchards: the association of cultivar resistance, sanitation and reduced fungicide schedules. IOBC wprs Bulletin (sous presse).
- Caffier V, Parisi L., 2007. Development of apple powdery mildew on sources of resistance to *Podosphaera leucotricha*, exposed to an inoculum virulent against the major resistance gene PI-2. *Plant Breeding*, 126: 319-322
- Caffier V. , Calenge F. , Denancé C. , Devaux M. , Durel C.E., Expert P. , Freslon V. , Gladieux P. , Guérin F. , Le Cam B. , Sapoukhina, N. 2007. Interaction pommier/ *Venturia inaequalis* : de la connaissance du pathogène a la construction et la gestion de génotypes à résistance durable. Colloque CPER 2000-2006, 29-30 novembre 2007, Angers, France
- Caffier V, Laurens F, 2005. Breakdown of PI2, a major gene of resistance to apple powdery mildew, in a French experimental orchard. *Plant Pathology*, 54: 116-124

Membre B – 2

Nom Le Cam Prénom : Bruno Grade : CR1

Emploi actuel : Chargé de Recherches à l'INRA, centre Angers-Nantes.

Temps mensuel consacré au projet : 30 heures

Responsabilité dans le projet : Participation à l'axe de recherche N° 1 : « Durabilité des résistances multi-géniques ». Apport de données biologiques et génétiques sur l'évolution de la tavelure du pommier. Appui scientifique sur l'écologie évolutive de pathogènes.

Expériences professionnelles :

Depuis 1995 : Chargé de Recherches INRA UMR Pavé

2001- 2004 : Encadrement de la thèse de Fabien Guérin, aujourd'hui MCU à La Réunion: : Mise en évidence d'une population génétiquement différenciée de *Venturia inaequalis*, agent de la tavelure du pommier, associée au contournement du gène majeur de résistance Vf.

2004- 2007 : Encadrement de la thèse de Pierre Gladieux, aujourd'hui en stage Post Doctorale dans le Laboratoire d'Ecologie, Systématique et Evolution à l'Université de Paris-Sud. Biogéographie et Biologie des Populations de *Venturia inaequalis*, champignon invasif responsable de la tavelure du pommier.

Depuis début 2008 : Co-encadrant de la thèse de A. Lê Van (Durabilité de la résistance du pommier à la tavelure)

Depuis 1995 : Encadrement de plusieurs mémoires de DEA et stages Master

publications (ou brevets) les plus significatives des cinq dernières années

- Gladieux P, Caffier V, Devaux M, Le Cam B. Divergence, gene flow, demography and recombination among and within populations of the fungus *Venturia inaequalis* causing scab on apple, pyracantha and loquat. En cours de révision après un 1^{er} reviewing dans *Molecular Ecology*.
- Sapoukhina N, Durel C.E., Le Cam B. 2009. Spatial deployment of gene-for-gene resistance governs evolution and spread of pathogen populations. *Theoretical Ecology*. DOI: 10.1007/s12080-009-0045-5

- Gladieux P, Zhang X-G, Afoufa-Bastien D, Valdebenito Sanhuesa R-M, Sbaghi M, Le Cam B. 2008. On the Origin and Spread of the Scab Disease of Apple: Out of Central Asia. *PLoS ONE* 3(1): e1455. doi:10.1371/journal.pone.0001455
- Broggin GAL., Le Cam B., Parisi L., Gessler C., and Patocchi A. 2007. Isolation of a contig of BAC clones spanning the region of the avirulence gene *avrVg* of *Venturia inaequalis*. *Fungal Genetics and Biology* 44:44-51.
- Guérin F., Gladieux P., and Le Cam B. 2007. Origin and colonization history of newly virulent strains of the phytopathogenic fungus *Venturia inaequalis*. *Fungal Genetics and Biology* 44: 284-292.
- Guérin F., Franck P., Loiseau A., Devaux M., and Le Cam B. 2004. Isolation of 21 new microsatellite loci in the phytopathogenic fungus *Venturia inaequalis*. *Molecular Ecology Notes*. 4: 268-270.

Membre B - 3

Nom LEMAIRE Prénom : Christophe Grade : Maître de Conférences

Emploi actuel : Maître de Conférences à l'Université d'Angers.

Temps mensuel consacré au projet : 45 heures

Responsabilité dans le projet : Participation à l'axe de recherche N° 3 : « Application des théories du branchement et de la coalescence à l'étude phylogénétique de certains de végétaux en vue de leur sélection variétale. »

Expériences professionnelles :

2005-2009 : Maître de Conférences au laboratoire Paysages et Biodiversité de l'Université d'Angers

2004-2005 : Post-doc à la NOAA/NMFS-University of Santa Cruz (CA)

2001-2003 : Post-doc à l'IFREMER de Nantes

1997-2001 : Thèse de doctorat INA-PG à l'Université Montpellier II (Dir. F. Bonhomme)

Depuis 2005 Encadrement de plusieurs stages Master 1 et 2

publications (ou brevets) les plus significatives des cinq dernières années

- Fauvelot, C., Lemaire, C., Planes, S., & Bonhomme, F. (2007). Inferring gene flow in coral reef fishes from different molecular markers: Which loci to trust? *Heredity*, 99(3), 331-339.
- Lemaire, C., Versini, J. -J., & Bonhomme, F. (2005). Maintenance of genetic differentiation across a transition zone in the sea: Discordance between nuclear and cytoplasmic markers. *Journal of Evolutionary Biology*, 18(1), 70-80.
- Bahri-Sfar, L., Lemaire, C., Chatain, B., Divanach, P., Hassine, O. K. B., & Bonhomme, F. (2005). Impact of aquaculture on the genetic structure of Mediterranean populations of *Dicentrarchus labrax*. *Aquatic Living Resources*, 18(1), 71-76.
- Guinand, B., Lemaire, C., & Bonhomme, F. (2004). How to detect polymorphisms undergoing selection in marine fishes? A review of methods and case studies, including flatfishes. *Journal of Sea Research*, 51(3-4), 167-182
- Jérôme, M., Lemaire, C., Bautista, J. M., Fleurence, J., & Etienne, M. (2003). Molecular phylogeny and species identification of sardines. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 51(1), 43-50.

- Jérôme, M., Lemaire, C., Verrez-Bagnis, V., & Etienne, M. (2003). Direct sequencing method for species identification of canned sardine and sardine-type products. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 51(25), 7326-7332.

Membre B - 4

| | | | |
|--|---------|---------------------|------------|
| Nom | DIDELOT | Prénom : Frédérique | Grade : AI |
| Emploi actuel : Assistante ingénieur à l'INRA, centre Angers-Nantes. | | | |
| Temps mensuel consacré au projet : 30 heures | | | |
| Responsabilité dans le projet : Apport de données biologiques sur le développement spatio-temporel de la tavelure du pommier | | | |
| Expériences professionnelles : | | | |
| 1993 (6 mois) : chargée d'études, CNRS, Bordeaux Faculté des sciences, | | | |
| 1994-1995 : Assistante ingénieur sur les bactérioses de la tomate et du chou, Unité de pathologie végétale. | | | |
| 1995- : Assistante ingénieur sur la tavelure du pommier. | | | |
| publications (ou brevets) les plus significatives des cinq dernières années | | | |
| <ul style="list-style-type: none"> • Didelot F, Caffier V, Baudin M, Orain G, Lemarquand A, Parisi L, 2009. Integrating scab control methods with partial effects in apple orchards: the association of cultivar resistance, sanitation and reduced fungicide schedules. <i>IOBC wprs Bulletin</i> (sous presse). • Caffier V, Didelot F, Orain G, Lemarquand A, Parisi L, 2009. Efficiency of association of scab control methods on resistance durability of apple : the case study of cultivar Ariane. <i>IOBC wprs Bulletin</i> (sous presse). • Brun L, Didelot F, Parisi, L. 2008: Stratégies innovantes contre la tavelure du pommier. <i>Phytoma</i> 612: 10-15. • Brun L, Didelot F, Parisi L. 2008. Effects of apple cultivar susceptibility to <i>Venturia inaequalis</i> on scab epidemics in apple orchards. <i>Crop Protection</i> 27.1009-1019 • Didelot, F, Brun, L, Parisi, L. 2007 Effects of cultivar mixtures on scab control in apple orchards. <i>Plant pathology</i> 56. 1014-1022 | | | |

Un responsable scientifique de l'équipe partenaire doit être désigné

C : Responsable scientifique

Nom MALECOT Prénom : Valéry Grade : Maître de conférences

Emploi actuel : Maître de Conférences à AGROCAMPUS-OUEST Centre d'Angers (Institut National d'Horticulture et de Paysage).

Temps mensuel consacré au projet : 38 heures

Responsabilité dans le projet : Responsable scientifique du partenaire N° 3. Co-encadrant des post-doc « Coalescence avec mutation et sélection de cultivars ornementaux » et « Graphes et réseaux stochastiques appliqués à la reconstruction de pedigree de plantes ornementales ».

Expériences professionnelles :

1998-2002 : Thèse de doctorat à l'Université Pierre & Marie Curie – Paris VI.

2002-2003 : ATER à l'Université Pierre & Marie Curie – Paris VI.

2003-2009 : Maître de Conférences à l'Institut National d'Horticulture, Angers.

Depuis 2000 : Encadrement de plusieurs stages de Maîtrise ou de Master 1 et 2

Depuis 2009 : Co-encadrant de la thèse de Gaëlle Auvray (Analyses des relations phylogénétiques entre individus dans un système réticulé. Applications à la distinction des origines hybrides des cultivars de *Cytisus scoparius* et d'espèces apparentées)

publications (ou brevets) les plus significatives des cinq dernières années

- Z. Rogers, D. Nickrent & V. Malécot (2008) *Staufferia* and *Pilgerina*: two new endemic monotypic arborescent genera of Santalaceae from Madagascar. *Annals of the Missouri Botanical Garden*. 95(2) : 391-404.
- V. Malécot & D. Nickrent (2008) Phylogenetic relationships of basal Santalales, particularly Olacaceae, based on nuclear and chloroplast sequences. *Systematic Botany*. 33(1) : 97-106.
- V. Malécot, T. Marcussen, J. Munzinger, R. Yockteng & M. Henry (2007) On the origin of the sweet-smelling *Parma* Violets cultivars: wide intraspecific hybridisation, sterility and sexual reproduction. *American Journal of Botany*. 94(1) : 29-41.
- Z. Rogers, V. Malécot & K. Sikes (2006) A Monograph of *Olax* L. (Olacaceae) in Madagascar and the Comoro islands. *Adansonia* série 3. 28(1) : 71-100.
- V. Malécot & D. Lobreau-Callen (2005) A survey of species assigned to the fossil pollen genus *Anacolosidites*. *Grana*. 44(4) : 314-336.
- V. Malécot, D. Nickrent, P. Baas, L. van den Oever & D. Lobreau-Callen (2004) A morphological cladistic analysis of Olacaceae. *Systematic Botany*. 29 : 569-586.

Membre C - 1

Nom DUREL Prénom : Charles-Eric Grade : DR2

Emploi actuel : Directeur de Recherches à l'INRA, centre Angers-Nantes.

Temps mensuel consacré au projet : 15 heures

Responsabilité dans le projet : Co-encadrant de la thèse d'axe de recherche N°1 : « Modélisation de l'impact de la structure génétique de l'hôte sur l'évolution du pathogène: application à la construction de variétés durablement résistantes». Appui scientifique sur les aspects génétiques de la création variétale.

Expériences professionnelles :

1990-1995 Chargé de Recherches, INRA Bordeaux, Génétique quantitative forestière.

1995-2009 Chargé de Recherches, INRA Angers, Génétique d'espèces arboricoles.

Depuis Décembre 2008 Directeur de Recherches, INRA Angers, Génétique d'espèces arboricoles.

1993-1995 Encadrant de la thèse de C. Plomion (Cartographie génétique du pin maritime)

2000-2004 Encadrant de la thèse de F. Calenge (Cartographie comparée chez le pommier, résistance aux maladies)

2005-2008 Encadrant de la thèse de V. Soufflet-Freslon (Cartographie de la résistance à la tavelure chez le pommier et construction de génotypes)

Depuis début 2008 Directeur de thèse de A. Lê Van (Durabilité de la résistance du pommier à la tavelure)

publications (ou brevets) les plus significatives des cinq dernières années

- Durel C.E., Denancé C., Brisset M.N., 2009. Two distinct major QTL for resistance to fire blight co-localise on linkage group 12 in apple genotypes 'Evereste' and *Malus floribunda* clone 821. *Genome* 52: 139-147.
- A. N'Diaye, W.E. van de Weg, L.P. Kodde, B. Koller, F. Dunemann, M. Thiermann, S. Tartarini, F. Gennari, C.E Durel, 2008. Construction of an integrated consensus map of the apple genome based on four mapping populations. *Tree Genet. Gen.* (on line : <http://dx.doi.org/10.1007/s11295-008-0146-0>)
- Soufflet-Freslon V., Gianfranceschi L., Patocchi A., Durel C.E., 2008. Inheritance studies on apple scab resistance identify *Rvi14*, a new major gene, and confirm two broad-spectrum QTL. *Genome* 51: 657-667.
- Calenge F., Durel C.E., 2006. Both stable and unstable QTLs for resistance to powdery mildew are detected in apple after four years of field assessments. *Molecular Breeding* 17: 329-339.
- Calenge F., Drouet D., Denancé C., Van de Weg W.E., Brisset M.N., Paulin J.P., Durel C.E., 2005. Identification of a major QTL together with several minor additive or epistatic QTLs for resistance to fire blight in apple in two related progenies. *Theoretical and Applied Genetics* 111: 128-135.
- Calenge F., Faure A., Goerre M., Gebhardt C., Van de Weg W.E., Parisi L., Durel C.E., 2004. Quantitative Trait Loci (QTL) analysis reveals both broad-spectrum and isolate-specific QTL for scab resistance in an apple progeny challenged with eight isolates of *Venturia inaequalis*. *Phytopathology* 94 (4): 370-379.
- Durel C.E., Parisi L., Laurens F., van de Weg W.E., Liebhard R., Jourjon M.F., 2003.

Genetic dissection of partial resistance to race 6 of *Venturia inaequalis* in apple. *Genome* 46: 224-234.

Membre C - 2

Nom Peltier Prénom : Didier Grade : Maître de conférences HDR

Emploi actuel : Maître de Conférences à l'Université d'Angers.

Temps mensuel consacré au projet : 30 heures

Responsabilité dans le projet : Animateur de l'axe ressources génétiques de l'UMR GenHort. Apport de données de caractérisation moléculaires d'espèces horticoles et diffusion des méthodes mises au point en vue de l'analyse des collections de ressources génétiques de l'UMR Genhort.

Expériences professionnelles :

1995-2009 Maître de Conférences à l'Université d'Angers

publications (ou brevets) les plus significatives des cinq dernières années

- H. Avenot, A. Dongo, N. Bataillé-Simoneau, B. Iacomi-Vasilescu, B. Hamon, D. Peltier and P. Simoneau, Isolation of 12 polymorphic microsatellite loci in the phytopathogenic fungus *Alternaria brassicicola*, *Molecular ecology notes* 2005 5(4) : 948-950
- Lode T., Guiral G., Peltier D., European mink-polecat hybridization events: Hazards from natural process, *Journal of Heredity* 2005, 96 (2): 89-96.
- Lodé T., Peltier D., Genetic neighbourhood and effective population size in the endangered European mink *Mustela lutreola*. *Biodiversity and Conservation* 2005 14: 251-259
- C. Aubry, MC Morère-Le Paven, AL Chateigner-Boutin, B. Teulat-Mehra, C. Ricoult, D. Peltier, R. Jalouzot, AM Limami, A gene encoding a germin-like protein, identified by a cDNA-AFLP approach is specifically expressed during germination of *Phaseolus vulgaris* *Planta* (2003) 217 : 466-475
- Peltier D. and Lodé T., Molecular survey of genetic diversity in endangered European mink *Mustela lutreola*, *Compte rendus de l'académie des sciences* (2003) 325 : S49- S53.

Membre C - 3

Nom : Pernet Prénom : Alix Grade : IR2

Emploi actuel : ingénieur de recherche à l'INRA

Temps mensuel consacré au projet : 45 heures

Responsabilité dans le projet : généticienne sur les ressources génétiques du rosier : apport de données de caractérisation moléculaire (marqueurs anonymes et gènes codants) et phénotypique pour estimer l'impact de la sélection sur la diversité génétique.

Expériences professionnelles :

1994-1998 Thèse de doctorat de l'université Paris-XI (effectuée au CIRAD et au CIMMYT)

1999-2001 Ingénieur de recherche à l'AFOCEL (amélioration génétique des arbres)

2001 – 2009 Ingénieur de recherche à l'INRA – UMR GenHort

publications (ou brevets) les plus significatives des cinq dernières années

- **Pernet A**, Barbas E, Peltier D (2004) Molecular survey of the genetic diversity from commercial *Pelargonium x hortorum* cultivars compared to botanical accessions. In: Volmann J, Grausgruber H, Ruckenbauer P (eds) Genetic variation for plant breeding - Eucarpia XVII, September 2004 edn. BOKU - University of natural resources and applied life sciences, Vienna, Austria, Tulln, Austria, p. 171
- Dorion N, Hassanein AMA, Gouait F, **Pernet A** (2004) Sélection pour la résistance au stress hydrique chez *Pelargonium x hortorum* : un moyen d'économiser l'eau et de contrôler la croissance. In: INH (ed) Les 2èmes Rencontres du Végétal. INH, Angers
- **Pernet A**, Foucher F, Gaillard S, Hibrand-Saint Oyant L, Lalanne D, Michel G, Thouroude T, Ayata S-D, Fy C, Lucas V, Salman A, Brunel D, Coëdel S (2007) Impact of selection in *Rosa*: methodological aspects and first results. In: INRA (ed) First International Rose Genomics 2007. INRA, Angers, p 27
- Crespel L, **Pernet A**, Le Bris M, Gudín S, Hibrand-Saint Oyant L (2009) Application of ISSRs for cultivar identification and assessment of genetic relationships in rose. Plant Breeding. accepted

Partenaire associé 1 LISA

Un responsable scientifique de l'équipe partenaire doit être désigné

Responsable scientifique

Nom : Jolly Prénom : Jean-Claude Grade : Maître de Conférences

Emploi actuel : Maître de conférences à l'université d'Angers

Temps mensuel consacré au projet : 30 heures

Responsabilité dans le projet : Les modèles d'EDP considérés présentent une similitude avec ceux d'une action nouvellement menée au LISA autour de la croissance des végétaux et des systèmes dynamiques hybrides. Une participation en tant que membre associé est susceptible de faire apparaître des résultats intéressants l'axe 1.

Expériences professionnelles :

1994-2003 Professeur agrégé de mathématiques

2003-2009 Maître de conférences à l'université d'Angers

Publications (ou brevets) les plus significatives des cinq dernières années :

- Jolly J.-C., Méthode formelle et numérique pour l'étude des cycles limites d'une classe de S.D.H., Conférence Internationale Francophone d'Automatique 2008, Roumanie, Bucarest ;

- Jolly A., Gleyze J.-F., Jolly J.-C., Static and Synchronized Switching Noise Management of Replicated Optical Pulse Trains, Optics Communications, p. 89-96, 2006

- Jolly J.-C., Quémard C., Ferrier J.-L., Optimal Control Using Parameterized Mobile Switching Surfaces, ICINCO 2005, Spain, Barcelona ;

Autres membres du laboratoire

Nom : Autrique Prénom : Laurent Grade : Professeur des Universités

Emploi actuel : Professeur des Universités à l'Université d'Angers

Temps mensuel consacré au projet : 30 heures

Responsabilité dans le projet : Appui scientifique sur la modélisation de systèmes dynamiques complexes par des EDP, leur simulation, leur analyse et les techniques d'identification paramétrique pour de tels systèmes.

Expériences professionnelles :

- 2008-2009 Professeur des Universités (Automatique) à l'Université d'Angers
- 2007-2008 Professeur des Universités (Génie des Procédés) à l'Université Blaise Pascal de Clermont Ferrand
- 1996-2007 Maître de conférences à l'Université de Perpignan (dont 5 ans en délégation à la DGA).

Publications (ou brevets) les plus significatives des cinq dernières années :

- Perez L., Autrique L., *Robust determination of thermal diffusivity values from periodic heating data*, Inverse problems, Vol. 25, n°4, April 2009.
- Autrique L., Perez L., Scheer E., *On the use of periodic photothermal methods for materials diagnosis*, sensors and actuators B, Vol. 135, n°2, pp.478-487, 2009.
- Autrique L., Lormel C., *Numerical design of experiment for sensitivity analysis – application to skin burn injury prediction*, IEEE transaction in Biomedical Engineering, Vol.55, n°4, pp. 1279-1290, 2008.
- Gillet M., Autrique L., Perez L., *Mathematical model for intumescent coating growth: application to fire retardant systems evaluation*, Journal of physics D: Applied Physics, Vol. 40, n°3, pp. 883-899, 2007.
- Rouquette S., Autrique L., Chaussavoine C., Thomas L., *Identification of influence factors in a thermal model a plasma assisted chemical vapour deposition process*, Inverse Problems in Science and Engineering, Vol. 15, n° 5, pp. 489-515, mars 2007.
- Autrique L., Perez L., Serra J.J., *Finite element modelling for micro scale thermal investigations using photo thermal microscopy data inversion*, Measurement Science and technology, Institute of physic journal, Vol. 18, n° 1, pp. 1-11, janvier 2007.

V - DESCRIPTION DU PROJET

Acronyme : MODEMAVE

Titre court : Mathématiques appliquées au végétal

A. Objectifs et contexte : (2 pages maximum en Times 12, simple interligne)

Volet « paris scientifiques régionaux »

Afin d'élargir les domaines de compétences présents sur son territoire, la Région encourage les laboratoires de recherche ligériens à développer leur capacité d'ouverture, à explorer de nouvelles pistes. Ce soutien régional vise à susciter l'émergence de nouveaux axes de recherche qui s'inscrivent dans les thématiques du Schéma Régional de la Recherche ou, à titre exceptionnel, en dehors. Il s'agit donc :

- de soutenir le développement de nouveaux champs de compétences par diversification ou autour de sujets originaux ayant un fort potentiel de développement et de visibilité,
- de soutenir les laboratoires ou groupes de laboratoires dont le projet permet d'anticiper une évolution de leur positionnement scientifique.

- **Objectifs scientifiques**

Le programme scientifique proposé par les différentes équipes de recherche impliquées dans le projet se décompose en les trois axes suivants :

Axe 1. Modélisation de l'impact de la structure génétique de l'hôte sur l'évolution du pathogène: application à la construction de variétés durablement résistantes.

Axe 2. Modélisation et inférence statistique de phénomènes spatio-temporels en pathologie végétale.

Axe 3. Application des théories du branchement et de la coalescence à l'étude du pedigree de certains de végétaux en vue de son utilisation en sélection variétale.

Ces thématiques ont toutes pour origine des problèmes liés à la biologie du végétal soulevés par les chercheurs des unités mixtes GenHort et PaVé. Dans chaque cas, l'étude requiert un ou plusieurs modèles mathématiques mettant à contribution les chercheurs du LAREMA ainsi que des doctorants et post-doctorants.

Axe 1. Cet axe concerne l'étude de la durabilité de la résistance aux maladies. Il correspond à la poursuite de travaux initiés par Natalia Sapoukhina en collaboration avec Charles-Eric Durel et Bruno Le Cam (UMR PaVé et GenHort). Les sélectionneurs disposent de deux types de résistance pour créer des variétés résistantes, l'une est qualitative, elle procure une résistance totale, l'autre est quantitative à résistance partielle. Les résistances étant rapidement contournées dans la pratique, la tendance actuelle est de combiner ces différents types de résistance avec pour objectif de maintenir plus longtemps leur efficacité. L'objectif de ce

travail est de comprendre comment la composition de la résistance multigénique conduit la vitesse d'adaptation du pathogène. Pour atteindre notre objectif nous allons développer un modèle mathématique générique qui décrit la dynamique d'évolution d'un pathogène en réponse à la structure génétique de l'hôte.

Axe 2. Le second axe de recherche s'inscrit dans le prolongement de travaux existants. D'une part ces travaux ont été fruit d'une collaboration entre Besnik Pumo, membre de LAREMA, et l'équipe « Ecologie » de l'UMR INH/INRA/UA « Sciences Agronomiques Appliquées à l'Horticulture » (SAGAH) et qui concernaient la modélisation spatiale de la répartition des mauvaises herbes. Le modèle étudié dans ce cadre était un modèle spatio-temporel défini sur un réseau régulier à valeurs binaires (absence/présence). D'autre part Valérie Caffier, Frédérique Didelot et d'autres chercheurs de l'équipe « Ecologie Evolutive de Pathosystèmes Fongiques » de l'UMR Pavé se sont intéressés à l'étude de la tavelure, notamment le développement spatio-temporel de souches de tavelure capables de contourner une variété de pommier résistante. Dans le cadre d'une collaboration entre des chercheurs de l'équipe « Ecologie Evolutive de Pathosystèmes Fongiques » et ceux de LAREMA participant à ce projet, deux pistes seront explorées. D'une part la modélisation basée sur une approche « individu » situé spatialement et qui permettra de décrire les phénomènes biologiques. D'autre part l'inférence statistique : estimation et test afin de prédire et fournir des intervalles de confiance pour les configurations limites. L'approche utilisée sera celle qui prend en compte la dépendance conditionnelle au passé des sites (individus) à partir de la structure de voisinage définie par le modèle, en particulier en prenant en compte l'hétérogénéité spatiale.

Axe 3. Le troisième axe de recherche, rassemble les aspects de la théorie des probabilités dont les applications sont utilisables dans les démarches de sélection variétale, en particulier de ligneux d'ornement, développés par l'UMR GenHort. De manière récurrente, lorsque les groupes ont été peu étudiés (ce qui est le cas des arbres et arbustes d'ornement) et afin d'obtenir de nouveaux cultivars, les sélectionneurs se posent les quelques questions suivantes : quels sont, parmi les cultivars actuels, ceux qui sont les plus proches et ceux qui sont les plus éloignés ? Actuellement la réponse à ces questions se fait en comparant des données morphologiques ou des données moléculaires à l'aide d'analyses statistiques de données (Analyse en composante principale par exemple). Cependant, l'essentiel des objets étudiés et des méthodes d'obtention de nouveaux cultivars, ont une dimension généalogique. Certains cultivars sont réputés être des descendants d'autres, et dans de nombreux cas des croisements dirigés sont effectués afin d'obtenir des nouveautés, parfois des hybrides interspécifiques sont produits. Les données disponibles relèvent donc principalement du domaine biologique de la génétique des populations et, d'un point de vue mathématique, de la théorie de la coalescence. Les nouveaux modèles basés sur cette théorie permettront de déterminer les temps de coalescence entre les différents individus étudiés ainsi que de connaître quelle est, pour chacun d'eux, leur ascendance la plus probable.

- Eléments de contexte (lien avec pôles de compétitivité,...)

Ce projet est en cohérence avec différents projets en cours de réalisation dans le pôle angevin de recherches sur le végétal. Il s'inscrit dans le cadre de l'Institut Fédératif de Recherche Qualité et Santé du Végétal (IFR QUASAV). Il présente aussi, par son axe 3 un lien direct avec un projet collaboratif déposé au Fond Unique Interministériel, intitulé BRIO, et soutenu par le pôle de compétitivité du végétal spécialisé : Végépolys. Les résultats mathématiques de l'axe 3 de ce projet (les outils de reconstruction de pedigree) seront directement exploités dans le cadre du projet BRIO sur du matériel des diverses entreprises partenaires. De ce fait ce

projet à sollicité le soutien du pôle de compétitivité Végépolys. Un tel projet favorisera l'émergence des biomathématiques en tant que discipline de formation et de recherche sur le pôle végétal angevin, élargissant ainsi le spectre de ses compétences, et correspond à une stratégie de collaboration entre les mathématiciens et les biologistes. Il s'agit d'optimiser l'effort de recherche sur certains aspects des thématiques angevines (sélection variétale et protection de plantes) tout en mettant en place un pôle de biomathématiques dédié au végétal spécialisé à Angers. De nombreuses expériences très fructueuses de collaborations scientifiques entre mathématiciens et biologistes ayant donné lieu à la création de structures de recherche reconnues ont déjà été menées en France. Pour ne citer que quelques exemples le laboratoire « Modélisation Mathématique et Informatique de Systèmes Complexes Naturels, Biologiques ou Sociaux » à l'IRD de Bondy, le laboratoire « Ecologie et évolution » de l'université Paris 6, ou encore l'unité mixte « Statistiques et génome » basée à l'Université d'Evry sont toutes des unités mixtes qui intègrent biologistes et mathématiciens travaillant en étroite collaboration. Le contexte scientifique décrit dans ce projet, les collaborations déjà existantes ainsi que la proximité géographique des différentes unités impliquées sont autant d'arguments en faveur de l'existence d'une unité de biomathématiques propre et l'on peut prévoir qu'un tel projet favorisera sa création dans un futur relativement proche.

- Intérêt structurant pour le développement du (des) laboratoire(s) concerné(s)

L'intérêt structurant du projet pour le développement des unités concernées réside avant tout dans la synergie que celui-ci entraînera entre elles. En effet, d'une part les biologistes de l'IFR QUASAV constatent la croissance des besoins en méthodes et en outils mathématiques liée en particulier à l'augmentation du volume des données à traiter en génomique ou bien à la complexité toujours plus grande des modèles d'évolution des populations. D'autre part, le développement des outils théoriques nécessaires à la mise en œuvre des modèles proposés soulèverait, pour les chercheurs du LAREMA, de nouvelles problématiques dans le domaine de la recherche fondamentale en mathématiques. Il est à noter en effet que l'équipe de mathématiques appliquées du LAREMA dispose d'un fort potentiel de recherche et d'encadrement dans les domaines les plus variés tel que les *systèmes dynamiques*, *l'analyse numérique*, les *probabilités* et les *statistiques* qui lui permettront de mettre des compétences appropriées au service de la biologie du végétal.

Par ailleurs le recrutement de doctorants et post doctorants qui travailleront à l'interface entre les disciplines concernées permettront de renforcer de manière fructueuse les liens entre nos différentes équipes.

- Pourquoi le projet est-il déposé dans le cadre de cet appel à projets régional ? A-t-il été déposé à l'ANR ou auprès d'autres financeurs potentiels ?

Par sa dimension locale et son périmètre limité à quelques laboratoires, l'appel à projet « Paris scientifiques régionaux » offert par la Région des Pays de la Loire est, parmi tous les autres appels à projets régionaux et nationaux, celui qui convient le mieux au projet MODEMAVE.

Ce projet n'a pas été déposé auprès de l'ANR ni auprès d'aucun autre financeur.

B. Description du projet scientifique : (6 pages maximum en Times 12, simple interligne)

- Axes opérationnels,

Axe 1 : Modélisation de l'impact de la structure génétique de l'hôte sur l'évolution du pathogène: application à la construction de variétés durablement résistantes.

Enjeux socio-économiques et scientifiques.

Une des stratégies de lutte contre les maladies fongiques est de sélectionner des variétés qui portent différents facteurs de résistance. On distingue deux types de résistance : résistance qualitative (basée sur les gènes majeurs, R), elle procure une résistance totale et résistance quantitative (QTL) à résistance partielle. Aujourd'hui, la majorité des programmes de sélection visant une résistance durable (par exemple, orge×*Puccinia*, pomme×*Venturia inaequalis*, colza×*Leptosphaeria*) se concentre sur la combinaison de résistance quantitative et qualitative. La création de variétés et les tests expérimentaux de nouvelles résistances étant des processus consommateurs de temps et d'argent, la profession est à la recherche d'outil prédictifs de l'efficacité de combinaisons de différents facteurs de résistance (R et QTL). La modélisation mathématique, couplée à des études biologiques et génétiques est un outil puissant permettant de comprendre l'évolution des pathogènes induits par la résistance multigénique et de développer un cadre générique pour le développement de variétés à résistance durable.

Les travaux théoriques en épidémiologie évolutive s'intéressent au niveau de virulence vis-à-vis des différents types de résistance sans prendre en compte la dynamique temporelle (Gandon et Michalakis, 2000). Nous développerons les approches mathématiques qui décrivent la vitesse d'adaptation des pathogènes en relation avec les différents types de résistance.

Des analyses exhaustives de données génétiques et épidémiologiques seront menées en collaboration avec le LAREMA. Ce projet fait également suite à une collaboration étroite entre les équipes de Ch.-E. Durel (GenHort, INRA) et B. Le Cam (PaVé, INRA).

Problème(s) et question(s) de recherche.

La résistance quantitative est considérée comme plus durable que la résistance totale mais, à ce jour, il n'existe pas d'étude portant sur le nombre de facteurs de résistance à combiner dans une même variété et la probabilité d'émergence de souches multivirulentes. Notre objectif vise à comprendre comment la composition de la résistance multigénique conduit la vitesse d'adaptation du pathogène. Pour atteindre notre objectif nous allons développer un modèle mathématique générique qui décrit la dynamique d'évolution d'un pathogène en réponse à la structure génétique de l'hôte. Nous nous appuierons sur la théorie d'évolution de virulence, les systèmes dynamiques ou la théorie du branchement multi-type.

La question des conditions nécessaires au succès d'une émergence de populations multivirulentes pourra également trouver une réponse à travers ce modèle. Nous souhaitons pouvoir identifier les facteurs principaux démo-génétiques favorisant les émergences (importance relative de l'agressivité, du taux de reproduction, de mutation etc).

La compréhension du processus d'adaptation est nécessaire à la création d'un cadre conceptuel qui nous permettra de bien choisir le matériel génétique pour la construction d'une résistance plus durable. Ce cadre pourrait être formalisé dans un outil d'aide à la décision pour le design des meilleures combinaisons entre gènes majeurs de résistance et gènes de résistance

quantitative. En élaborant des stratégies de constructions optimisant les combinaisons de gènes assistés par modélisation, nous contribuerons au développement d'un nouveau type de « génotypes résistants conçus *in silico* ».

Thèse de Doctorat relative au sujet :

Ecole Doctorale : Ecole doctorale STIM Angers/Le Mans/Nantes

Unités de recherche concernées : LAREMA UMR CNRS 6093, UMR 077 PaVé, UMR 1259 GenHort.

Directeur de thèse: Loïc Chaumont

Co-encadrants : Natalia Sapoukhina, UMR 077 PaVé, INRA

Charles-Eric Durel, UMR 1259 GenHort, INRA.

Titre de la thèse: Modélisation de l'impact de la structure génétique de l'hôte sur l'évolution du pathogène: application à la construction de variétés durablement résistantes.

Références

Gandon, S. & Y. Michalakis (2000) Evolution of parasite virulence against qualitative or quantitative host resistance. Proc. R. Soc. Lond. B. 267:985-990.

Mundt C.C. (1990) Probability of mutation to multiple virulence and durability of resistance gene pyramids. Phytopathology 80:221-223.

Parlevliet J.E. (1989) Identification and evaluation of quantitative resistance. In: Leonard K.J., Fry W.E. (eds) Plant disease epidemiology, vol. 2. McGraw-Hill, New York, pp 215–248.

Axe 2 : Modélisation et inférence statistique de phénomènes spatio-temporels en pathologie végétale.

Enjeux socio-économiques et scientifiques.

L'utilisation de variétés durablement résistantes aux maladies fongiques représente un enjeu majeur afin de limiter l'utilisation de fongicides. Afin de freiner les capacités d'adaptation des populations pathogènes et ainsi de prolonger la durabilité des résistances, le choix des gènes de résistance les plus intéressants à introduire dans ces variétés (cf. axe 1) doit s'accompagner d'un déploiement adapté des variétés dans l'espace et le temps. L'efficacité de ce déploiement des variétés est fortement dépendante des modalités de développement spatio-temporel du pathogène, qu'il faut donc être capable d'évaluer.

Les travaux sur les modèles spatio-temporels (ST) et leurs applications dans plusieurs domaines (agriculture, environnement, horticulture, etc.) ont connu un essor important depuis de nombreuses années. En particulier ce type de modèle est utilisé en pathologie végétale afin de mieux comprendre le processus qui contrôle la dispersion d'une maladie d'une population de plantes. Deux types de modèles ont été proposés pour étudier des phénomènes ST (Mollison, 1977). D'une part, les modèles déterministes. Un exemple est une étude récente portant sur des stratégies de déploiement spatial des gènes de résistance réalisée par des équipes des UMR Pavé et Genhort. D'autre part les modèles stochastiques basés sur l'écriture pour chaque individu, situé dans un site géographique, du processus biologique sous-jacent. Un exemple est le processus de contact introduit (PC) par Harris (1974). L'étude de ce modèle a fait l'objet de nombreux travaux sur un plan probabiliste Durrett et Levin (1994) et statistique Guyon et Pumo (2007) pour le PC à temps discret ou Fiocco et Zwet à temps continu.

Problème(s) et question(s) scientifiques.

Le problème étudié concerne la dynamique du développement de la tavelure du pommier à partir de données disponibles à l'UMR Pavé. Le contournement d'une variété résistante par des souches virulentes de tavelure a été observé à l'échelle parcellaire depuis l'apparition du 1^{er} foyer de maladie jusqu'à la généralisation de la maladie sur tout le verger (Caffier et al., 2009). Des notations ont été réalisées sur chaque arbre du verger plusieurs fois par an de 2004 à 2008. Nous souhaitons (1) déterminer selon quel pattern de dispersion s'est propagé la maladie : de proche en proche par diffusion et/ou par des phénomènes de dispersion à plus longue distance, qui sont 2 modes de dispersion qui peuvent intervenir dans le développement d'une épidémie à l'échelle parcellaire (Sache and Zadoks, 1996), et (2) déterminer si une hétérogénéité dans la répartition des plantes (mélange de variétés, Didelot *et al.*, 2007) affecte la propagation de la maladie. Les questions posées sont la prise en compte de l'hétérogénéité spatiale dans la conception de modèles spatio-temporels et l'estimation de paramètres. La plupart des modèles proposés dans la littérature supposent des conditions homogènes au niveau spatial. Le premier objectif visé dans cet axe est de prendre en compte les conditions spatiales hétérogènes dans la conception d'un modèle spatio-dynamique dans le cas de la tavelure. Le deuxième objectif est de proposer des estimateurs « efficaces » nous permettant de construire des prédicteurs performants.

Le projet sera réalisé en deux phases. Dans la première phase on supposera des conditions homogènes spatio-temporelles. L'objectif sera de concevoir un modèle paramétrique permettant de décrire le développement de la tavelure du pommier (Soubeyrand, 2008 ; Gibson, 1996) et d'estimer ces paramètres à partir d'une suite d'observations d'une parcelle homogène plantée avec une seule variété de pommier. Dans la deuxième phase l'objectif sera de prendre en compte l'hétérogénéité spatiale (Real et Biek, 2007). Nous testerons si la description obtenue en conditions homogènes reste valable en conditions hétérogènes (données de parcelles plantées avec des mélanges de 3 variétés de pommier). Si ce n'est pas le cas, les conséquences de l'hétérogénéité spatiale sur le développement de la maladie seront analysées. Par analogie à la première partie nous envisageons d'étudier les deux aspects du problème : conception d'un modèle et estimation de ces paramètres inconnus.

Références

- Caffier V., Didelot F., Orain G., Lemarquand A., Parisi L. (2009). Efficiency of association of scab control methods on resistance durability of apple : the case study of cultivar Ariane. IOBC wprs Bulletin, sous presse.
- Didelot F., Brun L., Parisi L. (2007): Effects of cultivar mixtures on scab control in apple orchards. *Plant Pathology* 56: 1014-1022.
- Gibson G.J., Austin E.J. (1996) Fitting and testing spatio-temporal stochastic models with applications in plant epidemiology, *Plant Pathology*, 45, 172-184.
- Guyon X., Pumo B. (2007) Space-time estimation of a particle system model, *Statistics*, 41 (5), 395-407
- Mollison D. (1977) Spatial contact models for ecological and epidemic spread, with discussion, *J. Roy. Stat. Soc., B*, 39, 283-326.
- Pumo B. (2007) Asymptotic results for the MPL estimators of the CP of order p, *Comm. in Statistics: Theory and methods*, 36(14), 2493-2508
- Real L.A., Biek R. (2007) Spatial dynamics and genetics of infectious diseases on heterogeneous landscape, *J. Roy. Soc. Interface*, 4, 16, 935-948.
- Sache I., Zadoks J. (1996) Spread of faba bean rust over a discontinuous field. *European Journal of Plant Pathology* 102: 51-60.
- Soubeyrand S., Held L., Hohle M., Sache I. (2008) Modelling the spread in space and time of

an airborne plant disease. J. of the Royal Statistical Society, Series C-Applied Statistics, 57 253-272.

Thèse de Doctorat relative au sujet :

Ecole Doctorale : Ecole doctorale STIM Angers/Le Mans/Nantes

Unités de recherche concernées : LAREMA UMR CNRS 6093, UMR 077 PaVé.

Directeur de thèse : Besnik Pumo, coencadrement : Valérie Caffier

Titre de la thèse : « Prise en compte de l'hétérogénéité spatiale dans la modélisation de la dynamique du développement de la tavelure du pommier : Estimation et tests. »

Axe 3 : Application des théories du branchement et de la coalescence à l'étude du pedigree de certains de végétaux en de son utilisation en sélection variétale.

Enjeux socio-économiques et scientifiques.

L'obtention de nouveaux cultivars de plantes ornementales présentant des caractères remarquables est une des principales préoccupations en horticulture. Ces cultivars atypiques sont créés par croisements entre espèces ou cultivars suffisamment éloignés génétiquement pour que la conjonction de leurs gènes fasse apparaître de nouveaux phénotypes. En connaissant les relations de parentés entre les cultivars, le génotype de certains individus, ainsi que l'hérédité des caractères d'intérêt ornemental, il devient possible d'extrapoler le génotype de l'ensemble des individus, et donc d'identifier les couples de parents qui transmettrons les caractères d'intérêt dans la plus grosse partie de leur descendance. La limite actuelle de cette démarche est la connaissance de la de la généalogie de l'ensemble des individus considérés, puisque les éléments historiques disponibles sont généralement rares voire délibérément faux. Face à cette situation, les botanistes et les généticiens sont confrontés à des problèmes de traitement des données de plus en plus importants diminuant d'autant l'efficacité des méthodes numériques classiques.

Problème(s) et question(s) de recherche.

L'objectif de ce travail est donc de déterminer des méthodes mathématiques permettant d'accroître la connaissance de la généalogie de certaines plantes ornementales dans le but d'optimiser leurs croisements. La méthode proposée dans ce projet appartient à la théorie de la coalescence initiée en probabilités par Kingman dans les années 80 et très développée au niveau international depuis la fin des années 90, simultanément par les deux communautés de biologistes et de mathématiciens. Cette théorie révèle une connaissance statistique de la génétique et de la généalogie de certains individus ainsi que des arbres phylogénétiques de certaines familles de plantes. Les objets de base alors sont des arbres aléatoires à partir desquels sont définis certains processus stochastiques indexés par les générations successives énumérées dans l'ordre décroissant.

Dans le cas qui nous préoccupe, afin de résoudre les problèmes de parenté entre individus, nous devons d'abord déterminer la loi du processus de coalescence qui gouverne la dynamique en question. En effet, la proximité entre les différentes plantes d'un même génotype qui favorise leur croisement ainsi que l'intervention des sélectionneurs ne permet pas de supposer que la coalescence est échangeable comme dans le cas du coalescent de Kingman. Les biologistes disposent pour cela d'informations partielles sur l'ascendance des plantes qui vivent de nos jours et qui doivent permettre aux mathématiciens de procéder d'abord à une inférence statistique sur les noyaux de transition associés au coalescent qui

définit cette ascendance. Il s'agira dans une seconde phase de déterminer pour deux individus donnés la loi du *temps de coalescence*, c'est-à-dire la loi du nombre de générations qui séparent ces deux individus de leur ancêtre commun le plus proche. La loi du coalescent permettra de même de déterminer la nature la plus probable de leur ancêtre commun le plus proche.

La connaissance de la généalogie des taxons considérés fait intervenir des dynamiques plus complexes que celles qui sont directement liées à la génétique décrites plus haut puisque dans ce cas la généalogie n'est plus seulement modélisée par des arbres aléatoires mais par des réseaux pouvant comporter des cycles que l'on appelle des pedigrees. La question qui se pose alors est de savoir quel est le réseau phylogénétique le plus vraisemblable ayant pu conduire aux différents taxons présents aujourd'hui. Nous nous proposons d'aborder cette question en développant des techniques de reconstructions stochastiques liées à la théorie des graphes et réseaux stochastiques et de les comparer avec des méthodes déterministes telles que celles qui sont basées sur le principe du maximum de parcimonie. En plus des applications à la biologie du végétal, de tels champs d'investigation laissent prévoir, la production de nouveaux résultats mathématiques.

Post-doctorats relatifs au sujet :

Unités de recherche concernées : LAREMA UMR CNRS 6093, UMR 077 PaVé, UMR GenHort.

Responsable : Loïc Chaumont

Co responsable : Valéry Malécot

Sujet N° 1 : « Coalescence avec mutation et sélection de cultivars ornementaux. »

Sujet N° 2 : « Graphes et réseaux stochastiques appliqués à la reconstruction de pedigree de plantes ornementales. »

- Calendrier,

La réalisation du projet s'étalera sur 4 ans, de septembre 2009 à septembre 2013. Chacun des trois axes de recherche décrits plus haut débiteront à partir de cette date.

Il est prévu que deux thèses de doctorat se déroulent sur la plus grande partie de la durée du projet. Un premier post-doctorant sera recruté pour l'année 2010-2011 et un second pour l'année 2011-2012. Le projet prévoit également l'organisation de deux workshops à Angers. Ceux-ci auront lieu respectivement à la fin de la deuxième année et à la fin de la quatrième année. Enfin des déplacements pour des collaborations dans d'autres laboratoires, des participations à des manifestations sur les sujets concernés et des invitations de chercheurs étrangers auront lieu pendant toute la durée du projet.

| | 2009-2010 | 2010-2011 | 2011-2012 | 2012-2013 |
|---|-----------|-----------|-----------|-----------|
| Thèse de doctorat (Axe de recherche N° 1) | | | | |
| Thèse de doctorat (Axe de recherche N° 2) | | | | |

| | | | | |
|--|--|-----------|--|-----------|
| 1 ^{er} séjour postdoctoral (Axe N° 3) | | | | |
| 2 nd séjour postdoctoral (Axe N° 3) | | | | |
| Workshops | | Juin 2010 | | Juin 2012 |
| Réunions du comité de pilotage | | Juin 2010 | | Juin 2012 |

- Membres impliqués et rôle de chacun,

Axe 1 : L. Chaumont (direction de la thèse, modélisation mathématique), N. Sapoukhina (co-encadrante de la thèse, modélisation mathématique), C.-E. Durel (co-encadrant de la thèse pour les aspects génétique de la création variétale), B. Le Cam et V. Caffier (expertise pour les aspects d'écologie évolutive de pathogènes), B. Pumo (traitement des données et inférence statistique), E. Delabaere, Jean-Claude Jolly et Laurent Autrique (modélisation mathématique).

Axe 2 : V. Caffier (co-encadrante), F. Didelot, B. Le Cam, C. Lemaire, D. Peltier (Conception du modèle, Qualité du modèle ajusté), N. Sapoukhina, L. Chaumont, P. Graczyk (modélisation, Simulations), B. Pumo (direction de thèse, modélisation, inférence statistique, qualité du modèle, simulations).

Axe 3 : L. Chaumont (co-encadrant des post-doc, élaboration de modèles de branchement et de réseaux stochastiques, simulations), C. Lemaire (co-encadrant d'un post-doc et élaboration de modèles de coalescence), V. Malécot (co-encadrant des post doc et participation au sujet de recherche), A. Pernet (apport de données de caractérisation moléculaire), L. Vostrikova (modélisation stochastique).

| |
|---|
| C. Qualités du consortium : (2-3 pages maximum en Times 12, simple interligne) |
|---|

- Adéquation entre les spécialités des chercheurs et le programme de recherche

Nous avons schématisé l'adéquation entre les spécialités des différents chercheurs impliqués et le programme de recherche dans le tableau suivant :

| | | Axe N° 1 Durabilité des résistances multi- géniques | Axe N° 2 Phénomènes spatio- temporels en pathologie végétale | Axe N° 3 Branchement et coalescence en sélection avec mutation |
|-------------------------------------|--|---|---|---|
| Biologie Végétale | Phytopathologie | Bruno Le Cam Valérie Caffier | Valérie Caffier Bruno Le Cam Frédérique Didelot | |
| | Génétique | Charles-Eric Durel | Didier Peltier Christophe Lemaire | Christophe Lemaire Alix Pernet |
| | Phylogénie - Botanique | | | Valéry Malécot |
| Mathématiques Appliquées | Systèmes dynamiques | Natalia Sapoukhina Eric Delabaere Jean-Claude Jolly Laurent Autrique | Natalia Sapoukhina Eric Delabaere Jean-Claude Jolly Laurent Autrique | |
| | Probabilités | Loïc Chaumont | Piotr Graczyk | Loïc Chaumont |
| | Statistiques Analyse des données | Besnik Pumo | Besnik Pumo | Lioudmila Vostrikova |

Aux chercheurs des différentes unités impliqués dans chaque projet, il faut aussi ajouter les doctorants et les post-doctorants dont les sujets de recherche sont associés à chacun des trois axes mentionnés dans le tableau ci-dessus comme il est indiqué en section I.

- Complémentarité entre les membres du consortium,

Chacun des trois axes de recherche mentionnés dans la section A ci-dessus fait appel à une ou plusieurs disciplines mathématiques bien particulières. Ainsi le premier axe met en jeu les compétences en analyse et systèmes dynamiques de certains mathématiciens du LAREMA et des membres du LISA. L'axe N° 2 fait surtout appel à une analyse statistique et l'axe N° 3 concerne plutôt les théories du branchement, de la coalescence et des réseaux stochastiques. Par ailleurs les compétences en phytopathologie des biologistes de l'UMR PaVé complètent, dans chacun des trois axes les connaissances en génétique et botanique des membres de l'UMR GENHORT.

Il ressort de l'adéquation entre les différentes spécialités que chacun des partenaires principaux est impliqué dans les trois axes de recherche démontrant ainsi l'importance de toutes les disciplines de recherche dans chaque axe et la complémentarité entre les membres de ce projet.

- Expériences antérieures, liens existants entre les partenaires,

L'application à la biologie du végétal de la modélisation mathématique constituera un nouvel axe de recherche pour le LAREMA bien que des collaborations entre biologistes et mathématiciens aient déjà été menées sur le pôle végétal angevin. Notamment, Besnik Pumo, enseignant chercheur à l'INH et membre du LAREMA depuis janvier 2008 ainsi que Natalia Sapoukhina, chargée de recherches à l'INRA ont effectué plusieurs travaux de recherches en collaboration avec les membres biologistes de leurs équipes respectives. Certains objectifs du projet de recherche constituent des prolongements de leurs travaux. Une collaboration entre Loïc Chaumont et Valéry Malécot a débuté au cours de l'année 2008. Celle-ci porte sur la détermination du pedigree le plus vraisemblable reliant des individus dont certaines caractéristiques génétiques sont connues ainsi que des éléments partiels sur leurs filiations.

| | |
|---------------------|---------------|
| Partenaire 1 | LAREMA |
|---------------------|---------------|

Besnik Pumo a développé ces travaux de recherche entre 1998 à 2007 au sein de l'équipe « Ecologie » de l'UMR SAGAH. Il a participé au développement d'un des axes de cette équipe qui avait pour objectif d'étudier les relations entre les facteurs du milieu et la structuration spatiale des composantes de la communauté. Dans ce cadre il a travaillé sur les processus de contact (PC) à une espèce en collaboration avec Josiane Le Corff (Professeure à Agrocampus-Ouest Centre d'Angers) et Xavier Guyon (Professeur à Paris 1). Ce travail a donné lieu aux trois publications (dont deux sont citées dans ce document). Il a aussi contribué à l'analyse de signaux ETP (Evapo transpiration potentielle) dans une étude qui concernait le pilotage automatique d'une serre.

L'axe 2 de ce projet concerne à la fois les travaux sur le PC développés par Besnik Pumo et les travaux sur la modélisation déterministe de la dynamique spatiale d'un système hôte-pathogène dans l'espace (Sapoukhina et al. 2008). Pour concrétiser et développer ce potentiel de collaboration depuis un an Besnik Pumo c'est approché de l'équipe de l'UMR Pavé (Frédérique Didelot, Valérie Caffier, Bruno Le Cam, Natalia Sapoukhina) afin d'étudier une approche basée sur les modèles spatio-temporels stochastique pour modéliser la dynamique espace-temps de la tavelure du pommier.

Loïc Chaumont travaille sur le codage d'arbres aléatoires. Dans un article à paraître dans la revue ALEA (cité plus haut dans ce document), il décrit la généalogie d'une forêt de Lévy conditionnée par sa taille et sa masse au moyen du pont de premier passage d'un processus de Lévy. Récemment, avec Valéry Malécot, il s'est intéressé au problème de la reconstruction d'un pedigree connaissant la couleur (le génome) de chacun de ses sommets (individus) en considérant ce graphe comme la réunion de deux forêts aléatoires associées au même processus de branchement. Ce travail en cours constitue une première approche de l'un des problèmes liés de l'axe de recherche N° 3.

Un groupe de travail intitulé « *Dynamique et génétique des populations* » impliquant entre autres les membres ce projet a été mis en place cette année. Celui-ci a lieu une fois par mois au LAREMA. Des exposés accessibles à la fois aux biologistes et aux mathématiciens sont dispensés alternativement par des chercheurs des deux disciplines. Les responsables en sont Loïc Chaumont, Valéry Malécot et Natalia Sapoukhina.

Son programme est consultable sur l'URL : <http://math.univ-angers.fr/seminaires/>

Partenaire 2.**PaVé**

Trois phytopathologistes de l'Equipe Ecologie Evolutive des pathosystèmes fongiques (2EPF) sont impliqués dans ce projet (Frédérique Didelot (AI), Valérie Caffier (CR1) et Bruno Le Cam (CR1)). Tous trois travaillent sur la tavelure du pommier depuis de nombreuses années. Ils développent à la fois des études de terrain visant à comprendre les processus épidémiques de tavelure au champ en fonction des caractéristiques des variétés présentes, et des analyses au laboratoire sur la biologie et la génétique des populations du champignon *Venturia inaequalis* responsable de la tavelure du pommier. Ces analyses portent sur les capacités d'adaptation du champignon à s'adapter aux facteurs de résistance du pommier et de manière plus large aux différents hôtes de la famille des Rosacées qu'il est capable d'infecter.

Depuis 2005 au sein des UMR PaVé et GenHort la recherche sur la durabilité de résistance est consolidée par la compétence en modélisation mathématique de Natalia Sapoukhina. En collaboration avec Bruno Le Cam (PaVé) et Charles-Eric Durel (GenHort), nous avons construit un modèle spatialement explicite sur les dynamiques évolutives et épidémiques d'un système hôte-pathogène dans un paysage à deux dimensions (Sapoukhina et al. 2009). Le modèle a été utilisé pour étudier l'effet de la composition génétique des populations hôtes organisées selon différents patterns spatiaux sur l'invasion d'individus virulents capables de recombinaison. Il permet également de définir les stratégies optimales d'utilisation d'une variété résistante dans l'espace et dans le temps. Développé pour des plantes établissant des relations gène-pour-gène (gène majeur de résistance R) avec leur pathogène, le modèle peut aussi être appliqué à la gestion des résistances de type quantitative (QTL).

Christophe Lemaire a intégré l'équipe 2EPF de l'UMR PaVé en septembre 2008. Généticien des populations, il s'intéresse aux flux géniques neutres et sélectionnés à différentes échelles spatiales. Il s'intéresse notamment à la modélisation de structures paysagères susceptibles d'influencer les patrons de structure génétique par des approches chronologiques ou par coalescence. D'autres aspects de sa recherche concernent l'étude de la spéciation au travers des zones d'hybridation (analyse des barrières à la reproduction, déplacement de caractère, renforcement) et l'évolution moléculaire de gènes pouvant intervenir dans la spéciation et/ou la spécificité d'hôte chez les pathogènes.

Les publications illustrant les expériences antérieures des participants sont citées dans le paragraphe IV «Présentation plus détaillée du coordinateur scientifique et des partenaires au projet.

Partenaire 3**GenHort**

L'UMR INRA/Agrocampus-Ouest Centre d'Angers/UA 1259 Génétique et Horticulture - GenHort – regroupe des généticiens et des écophysiologistes travaillant sur 3 axes majeurs de recherche : (i) l'analyse de la diversité de plantes horticoles Maloïdeae, *Rosa*, Genisteae, *Hydrangea*, *Daucus*, ...), (ii) l'analyse des bases génétique et moléculaires de caractères d'intérêt horticoles (résistance du pommier, du poirier et de la carotte aux maladies, floraison et architecture du rosier, qualité du fruit chez le pommier), (iii) la recherche de nouveaux outils et méthodologies pour l'amélioration variétale de ces espèces (culture in vitro et transgénèse, sélection assistée par marqueurs, optimisation des programmes de sélection).

Ch.E. Durel travaille sur l'analyse des bases génétiques de la résistance du pommier aux maladies depuis 1996 (Unité d'Amélioration des Espèces Fruitières et Ornamentales, devenue UMR Génétique et Horticulture – GenHort – en 2004). Les trois principales maladies étudiées sont la tavelure (champignon *Venturia inaequalis*), le feu bactérien (bactérie *Erwinia amylovora*) et l'oïdium (champignon *Podosphaera leucotricha*). Les travaux de recherche

sont menés en collaboration étroite avec les collègues pathologistes de l'UMR PaVé (en particulier, B. Le Cam, V. Caffier et N. Sapoukhina pour la tavelure, J.P. Paulin et M.N. Brisset pour le feu bactérien). Pour la tavelure, l'objectif des travaux de recherche est de bien comprendre l'architecture génétique de plusieurs variétés présentant un fort niveau de résistance à ce champignon (et présentant une résistance potentielle durable) afin d'identifier quelle(s) combinatoire(s) de gènes (gènes majeurs et gènes à effet partiel : QTL, Quantitative Trait Loci) sont plus à même de conférer aux variétés une résistance stable dans le temps et vis-à-vis de l'évolution du pathogène. Au moyen de la cartographie génétique, de nombreux gènes de résistance (majeure et partielle) ont été identifiés par l'équipe ces dernières années. Ils sont maintenant cumulés selon des combinaisons différentes grâce à des croisements contrôlés entre variétés porteuses de certains de ces gènes afin de générer un maximum de situations différentes. Ces différentes combinaisons sont ensuite étudiées en verger non traité pour mesurer leur efficacité face à l'inoculum local du champignon *V. inaequalis*. Elles sont aussi étudiées en collaboration avec nos collègues pathologistes de PaVé qui réalisent des tests pathologiques avec une gamme beaucoup plus large de souches afin d'approfondir l'étude de leur durabilité potentielle. La collaboration avec N. Sapoukhina a pour objectif de modéliser au mieux, compte tenu des informations biologiques déjà disponibles, les combinaisons génétiques potentielles et leur impact sur la diffusion et l'évolution des populations pathogènes, afin de prédire leur durabilité relative.

V. Malécot travaille sur la systématique des angiospermes depuis 1998, actuellement plus particulièrement sur les Genisteeae dans le cadre d'un des axes de recherche de l'UMR GenHort. Les travaux de recherche sont menés au sein de l'UMR GenHort avec une participation importante d'entreprise horticoles, afin, d'une part, d'obtenir des développements fondamentaux sur la systématique des Genisteeae, et, d'autre part, obtenir de nouveaux cultivars qui répondent aux attentes des professionnels. Pour les Genisteeae, les travaux de systématique comprennent de la morphologie classique, afin d'assurer une description homogène des cultivars connus des nouvelles sélections, tout en formalisant, du point de vue de la croissance, les demandes des professionnels (remonté de floraison en particulier). Les travaux de systématique réalisés nécessitent également l'obtention de données moléculaires (ISSR, microsattellites, ITS) qui sont comparées selon diverses méthodologies (méthodes de distance, méthodes de parcimonie, analyses statistiques), afin d'orienter le processus de sélection, en particulier le choix des parents de croisements. Des données cytogénétiques (comptage et description des chromosomes) sont également mises en œuvre pour évaluer les possibilités de croisements, et des études de compatibilité sont effectuées pour mettre au point les protocoles d'hybridation et de croisement. En parallèle des méthodes de mutagenèse et de culture *in vitro* sont développées afin d'augmenter la diversité moléculaire et morphologique dans le groupe d'étude, en obtenant de nouveaux clones stables et morphologiquement intéressants pour les professionnels.

Les publications illustrant les expériences antérieures des participants sont citées dans le paragraphe IV «Présentation plus détaillée du coordinateur scientifique et des partenaires au projet».

D. Suivi et gestion du projet : (2-3 pages maximum en Times 12, simple interligne)

- Suivi scientifique du projet,

Pour assurer le suivi scientifique du projet, un comité de pilotage se réunira à deux reprises : une première réunion à mi-parcours puis une seconde en fin de projet permettront de faire un bilan des recherches effectuées et de réajuster leur orientation future. Ces deux réunions coïncideront avec les deux workshops prévus dans le déroulement du projet.

Le comité de pilotage est constitué de membres internes et de membres externes au projet de la manière suivante :

| Membres internes | Membres externes |
|--|--|
| <i>Mathématiques</i> | |
| Loïc Chaumont Besnik Pumo Natalia Sapoukhina | Bernard Prum- Université d'Évry Val d'Essonne Sylvain Gandon - IRD Montpellier |
| <i>Biologie</i> | |
| Valéry Malécot Christophe Lemaire | Christian Lannou - INRA-AgroParisTech Grignon Rémy Petit - INRA Bordeaux Philippe Simoneau - Directeur de l'IFR QUASAV |

- Organisation et description du mode de gestion du projet,

Les subventions de la région des Pays de la Loire nécessaires aux salaires des doctorants et post-doctorants seront versées à l'Université d'Angers qui en assurera le traitement.

L'École doctorale STIM (qui regroupe les universités de Nantes, d'Angers et du Mans ainsi que l'École des Mines de Nantes et l'École Centrale de Nantes) assurera le suivi administratif et pédagogique des deux doctorants prévus dans le projet.

Les contrats de travail des deux postdoctorants seront établis par le service du personnel de l'Université d'Angers selon le modèle propre aux postdoctorants de cette université.

Les subventions demandées pour les autres frais seront gérées par le LAREMA. Outre les frais propres à la gestion du projet, ceux-ci concernent :

- les frais de mission des membres du projet,
- les frais d'invitation de chercheurs étrangers,
- les frais dus à l'organisation de deux workshops en fin de projet,
- les frais en équipement informatique.
- les frais d'acquisition de données moléculaires servant de support d'analyse.

Le détail des subventions demandées figure en section **H** ci-dessous.

- Appui en personnel dédié,

Le LAREMA dispose d'un secrétariat de recherche auquel est affectée une secrétaire CNRS à plein temps qui gère les subventions obtenues au travers des différents contrats (état, région, ANR,...) passés par ses membres. La gestion des fonds obtenus concernant le présent projet n'impliquera donc aucune ressource supplémentaire en personnel de gestion. Cependant celle-ci nécessitera des frais de gestion que nous avons mentionnés dans le tableau de la section H.

Un Assistant Ingénieur en statistique, Pierre Santogostini, assurera un appui méthodologique et informatique en consacrant 0.2 ETP sur le projet et participera au traitement statistique des données. Il pourra en particulier aider le doctorant recruté dans le cadre de l'axe 2 pour la récolte et le prétraitement des données, la réalisation des programmes de simulation et d'estimation et à la vérification des résultats statistique sur des données réelles.

- Structure, organisme ou établissement assurant le suivi et la gestion financière du projet

L'Université d'Angers assurera la gestion de la part de la subvention de la région des Pays de la Loire correspondant aux salaires des doctorants et postdoctorants.

Les fonds obtenus de la région des Pays de la Loire concernant tous les autres frais et qui s'élèvent à environ 40 000 Euros seront versés au LAREMA qui en assurera la gestion.

E. Résultats et potentiel de développement : (2 pages maximum en Times 12, simple interligne)

- Etats actuels des résultats,

Axe 1 : Modélisation de l'impact de la structure génétique de l'hôte sur l'évolution du pathogène: application à la construction de variétés durablement résistantes.

Les chercheurs de l'INRA des UMR PaVé et GenHort ont construit un modèle théorique permettant d'analyser l'évolution des populations pathogènes en fonction du déploiement dans l'espace des variétés résistantes (Sapoukhina et al. 2009). Le sujet de thèse proposé sur l'impact de la structure génétique de l'hôte sur l'évolution du pathogène correspond à l'étape suivante de notre programme de recherche portant sur le développement d'outils informatiques pour la gestion des résistances. Pour valider notre modèle, nous utiliserons des données disponibles dans les publications (par exemple, orge×*Puccinia*, pommier×*Venturia*, colza×*Leptosphaeria*) et des résultats acquis ou en cours d'acquisition dans notre laboratoire concernant par exemple:

- L'estimation d'effets des combinaisons différentes des gènes majeurs et QTLs de pommier sur la sporulation de *V. inaequalis*.
- L'estimation du coût de virulence et de la fitness des génotypes virulents du pathogène.
- L'étude la pression de sélection qualitative et quantitative exercée par la résistance multigénique sur le pathogène (thèse de doctorat PaVé-GenHort, 2008-2011).

Références

Sapoukhina, N., Durel, Ch.-E., Le Cam, B. 2009. Spatial deployment of gene-for-gene resistance governs evolution and spread of pathogen populations. *Theoretical Ecology*. DOI: 10.1007/s12080-009-0045-5 (in press).

Axe 2 : Modélisation et inférence statistique de phénomènes spatio-temporels en pathologie végétale.

Le processus de contact (PC) à une seule espèce est un modèle spatio-temporel dont la dynamique est définie à partir de paramètres démographiques tels que les taux de disparition et de naissance. Nous avons obtenu des résultats sur l'estimation des paramètres démographiques d'un processus de contact défini à partir d'un voisinage simple ou composé. L'approche utilisée est basée sur une suite d'observations spatiale (d'une parcelle) dans le temps. Les estimateurs de pseudo-vraisemblance marginale sont asymptotiquement sans biais et gaussien. Des tests sont construits à partir de ces résultats. Sur un plan pratique les tests peuvent guider le choix des modèles permettant de comprendre la dispersion spatiale et donc la gestion d'une population.

Axe 3 : Application des théories du branchement et de la coalescence à l'étude du pedigree de certains végétaux en vue de son utilisation en sélection variétale.

L'UMR GenHort a déjà constitué une collection importante de cultivars de Genisteeae sur lesquels de nombreuses données morphologiques et moléculaires ont été obtenues, ainsi que divers lots d'individus issus de croisements dirigés. Pour les cultivars anciens, nous avons également compilé les données historiques sur leur origine, ce qui fournit des éléments de contrainte plus ou moins forts à la reconstruction des généalogies. Actuellement, le traitement de ces données s'est fait par des méthodes classiques d'analyse en composante principale ou via des méthodes dérivées de la théorie des graphes (Classifications Ascendantes Hiérarchiques, Cladistique).

- Résultats scientifiques attendus et impact en terme de visibilité nationale voire européenne,

Axe 1 : Modélisation de l'impact de la structure génétique de l'hôte sur l'évolution du pathogène : application à la construction de variétés durablement résistantes.

1. Formalisation mathématique de la réponse du pathogène aux différents facteurs de résistance de la plante et de leurs combinaisons.

Analyse des tendances générales de la réponse du pathogène aux gènes majeurs, aux QTLs et à leur combinaisons afin de classifier et décrire en fonctions mathématiques les effets possibles des facteurs de résistance (effet additif/linéaire vs effet épistatique/non linéaire).

2. Construction et analyse d'un modèle mathématique pour la vitesse d'adaptation du pathogène à la résistance multigénique.

Compréhension des processus sous-jacents qui différencient des réponses évolutives et démographiques de l'agent pathogène. Clarification des facteurs qui influent sur la vitesse d'adaptation du pathogène afin de formuler un modèle mathématique.

3. Validation du modèle.

Nous validerons le modèle par une comparaison quantitative des prédictions sur l'efficacité et la durabilité des combinaisons des gènes majeurs et des QTLs contre des données réelles de terrain.

Le modèle construit sera formalisé comme un logiciel d'aide à la décision afin de fournir un outil pratique pour les obtenteurs des nouvelles variétés résistantes. Le logiciel est censé traiter des données génétiques (caractéristiques des gènes majeurs et des QTLs), et de produire des stratégies optimales pour la construction de variétés portant une résistance multigénique durable.

Axe 2 : Modélisation et inférence statistique de phénomènes spatio-temporels en pathologie végétale.

1. Concevoir un modèle adapté au problème de la tavelure du pommier ; notre réflexion pour construire le modèle sera basée sur un essai disponible (équipe Pavé). Dans la première phase on pourra supposer que les conditions spatiales sont homogènes.
2. Estimer les paramètres biologiques à partir des données expérimentales - La méthode de pseudo-vraisemblance pourra être utilisée comme première approche. En particulier on s'intéressera à l'étude du comportement asymptotique. D'autres méthodes plus efficaces mais plus lourdes (MCMC) peuvent être envisagées.
3. Prendre en compte de l'hétérogénéité spatiale ; c'est le point le plus original de la thèse : modélisation et estimation.
4. Valider le modèle ajusté à partir des données espace-temps disponibles.

Axe 3 : Application des théories du branchement et de la coalescence à l'étude du pedigree de certains de végétaux en vue de son utilisation en sélection variétale.

Les sujets proposés à travers cet axe de recherche correspondent aux développements de méthodes d'analyses pouvant prendre en compte les aspects historiques et les données moléculaires disponibles sur les cultivars de Genisteeae, afin de déterminer non seulement les parentés entre cultivars, mais aussi, et dans la mesure du possible, leur généalogie. Nous attendons en particulier des développements en matière de :

1. formalisation mathématique des processus survenant en sélection horticole, en particulier du fait des croisements et hybridations récurrents au cours de la sélection,
2. construction des modèles de coalescence, de branchement et de graphes aléatoires,

3. validation du modèle contre des données issues des croisements dirigés.

A terme, nous envisageons le transfert des tests sur d'autres groupes étudiés localement, afin d'accélérer les processus de décision des plans de croisements pour l'obtention de nouveaux cultivars.

- Potentiel de développement dans le domaine d'étude,

Les principaux résultats attendus concernent des développements de nouveaux modèles mathématiques permettant une meilleure efficacité dans la sélection des plantes ou bien dans le traitement de leurs maladies. L'étape inhérente à cette phase de recherche fondamentale sera la réalisation de programmes utilisant des langages tels que C++, Delphi, R, Matlab, MAPLE qui permettront de confronter les modèles établis à la réalité observée.

- Suites envisagées au projet,

Lors de la quatrième année du projet, une demande d'ANR sera déposée afin de poursuivre les recherches en cours et d'exploiter les contacts qui auront été pris à travers les différentes manifestations scientifiques auxquelles participeront les membres du projet. Ce nouveau projet pourra englober les membres et les unités d'autres projets régionaux du même type tels que « PHENOTIC » qui associe le LISA, le POMA quelques unités de l'IFR QUASAV ainsi que des laboratoires manceaux et nantais. La création d'une unité mixte à l'interface des mathématiques, de l'informatique et de la biologie est envisageable.

- Stratégie internationale envisagée : dépôt d'un dossier dans le cadre du 7^{ème} PCRD, construction d'un réseau international...

La réalisation du projet MODEMAVE impliquera les contacts internationaux déjà établis par chacun de ses membres. Sur ces collaborations déjà existantes et sur celles qui auront été établies au travers des différentes manifestations propres au projet, pourront s'appuyer des projets d'envergure internationale par le biais d'un dépôt de dossier dans le cadre du 7^{ème} PCRD.

F. Valorisation

- Actions de diffusion au sein de la communauté scientifique (colloques, conférences, publications, etc.),

Au terme de la deuxième et de la quatrième année du projet, sera organisé à Angers un workshop auquel seront invitées des personnalités extérieures, expertes dans les thématiques concernées, afin de pouvoir communiquer l'état des recherches et de faciliter les collaborations scientifiques au-delà de la région des Pays de la Loire. Par ailleurs le budget du projet prévoit le financement de la participation de ses membres à diverses manifestations scientifiques, colloques, conférences,... La publication des résultats est évoquée ci-dessous.

- Impacts potentiels et actions envisagées sur le développement des dispositifs de formation d'enseignement supérieur, et notamment les Masters Recherche et les formations doctorales,

De telles collaborations entre les chercheurs des différentes disciplines favoriseront l'attrait des étudiants de la région des Pays de la Loire pour cette discipline.

Les membres de cet appel à projets ont constitué depuis l'an dernier un groupe de travail dans le but de réfléchir à la mise en place d'un master aux dimensions régionales « Modélisations mathématiques appliquées à la biologie et à la santé » qui ouvrira à l'horizon du prochain contrat quadriennal en 2012. Cette formation recrutera essentiellement des étudiants de licence mathématiques et offrira une filière professionnelle ainsi qu'une filière recherche. Les principales disciplines mathématiques enseignées seront les systèmes dynamiques, les probabilités et la statistique. La spécificité de ce master concernera la génétique des populations et la dynamique des populations en biologie du végétal. Les étudiants issus de ce master pourront se diriger vers la recherche en effectuant une thèse de doctorat (éventuellement co-dirigée par un mathématicien et un biologiste des laboratoires angevins) ou bien obtenir un emploi de chercheur ingénieur dans un organisme de recherche public ou privé.

- Actions envisagées de diffusion de la culture scientifique, technique et industrielle (régional, national, européen, international),

Pour chacun des trois axes de recherche, les actions suivantes seront envisagées :

- Valorisation scientifique :

Les résultats issus de ce projet seront mis en évidence en premier lieu sous formes de publications dans des revues internationales de haut niveau, spécialisées en modélisation biomathématique telles que *Journal of Theoretical Biology*, *Journal of Mathematical Biology*, *Mathematical Biosciences*, *The American Naturalist*,... mais aussi dans des revues de biologie, d'écologie et phytopathologie telles que *Journal of Applied Ecology*, *Phytopathology*, *Theoretical Ecology*... Les résultats issus de problèmes d'ordre plus théoriques soulevés par les modèles étudiés pourront être publiés dans des revues généralistes de mathématiques appliquées telles que *Stochastic Processes and their Applications*, *Advances in Applied Probability*, *Statistics*,...

Par ailleurs, des rencontres internationales, workshops, colloques,... seront organisées par les équipes concernées, conjointement avec des équipes de recherches françaises et étrangères travaillant sur le même thème de recherche.

- Valorisation professionnelle :

Les applications professionnelles issues des recherches du projet MODEMAVE seront présentées par ses membres lors de salons professionnels tels que le *Salon du Végétal*, les *Rencontres du Végétal* et divers autres salons horticoles. En particulier, la promotion des outils informatiques développés sera faite auprès des sélectionneurs.

- Valorisation culturelle :

Le projet sera présenté sous forme accessible au grand public lors de manifestations culturelles et éducatives telles que *Fête de la science* et *Nuit des chercheurs*. Une présentation en sera faite via le réseau d'information de *Terre des Sciences* et autres partenaires.

- Actions envisagées en faveur de la valorisation sociétale : innovations dans les services publics et les services collectifs...

L'aboutissement naturel du projet MODEMAVE est la création d'une unité de recherche propre sous la tutelle de l'INRA, du CNRS et de l'Université d'Angers qui regroupera à la fois des biologistes, des mathématiciens et des informaticiens. Le noyau initial de cette unité sera constitué des membres de MODEMAVE auxquels viendront s'ajouter de nouvelles recrues, chercheurs, enseignants chercheurs, étudiants, ingénieurs, techniciens... Ces recrutements pourront être effectués parmi les postdoctorants associés au projet et à ses prolongements. Il est à noter que le LAREMA prévoit cette année le recrutement de deux maîtres de conférences en probabilités et statistique. Selon la politique scientifique du LAREMA, ces nouveaux enseignants chercheurs devront avoir un profil qui corresponde aux objectifs de ce projet de manière à les intégrer ultérieurement à la future unité mixte.

- Actions envisagées en termes de valorisation économique (dépôt de brevets, recrutement d'un ingénieur de valorisation, développement de démonstrateurs technologiques, étude de positionnement stratégique des résultats scientifique en vue de développement économique, projet de création d'entreprise, mise en place de partenariats industriels en lien direct avec les résultats du projet, etc.)

L'étape subséquente aux recherches menées dans les différents axes et à leur publication consistera en des dépôts de brevets et en la commercialisation via des partenaires industriels (sélectionneurs) des produits suivants :

- Outils informatiques prédictifs de l'efficacité de combinaisons de différents facteurs de résistance.
- Logiciels permettant de reconstruire des phylogénies végétales à partir de connaissances génétiques et phénotypiques partielles.
- Outils statistiques permettant d'inférer le développement spatio-temporel de maladies fongiques du pommier dans des milieux hétérogènes.
- Nouvelles variétés résistantes.

Des membres ingénieurs et techniciens de la nouvelle unité mixte mentionnée ci-dessus seront chargés de cette valorisation économique.

G. Indicateurs de réussite du projet

4-5 indicateurs par projet, portant par exemple sur les effets structurants attendus, sur le saut qualitatif attendu, sur les modalités de pérennité des outils, etc.

Le projet a atteint ses objectifs si :

1. Un travail conjoint entre biologistes et mathématiciens angevins a pu conduire aux résultats attendus et décrits en section **E** : conception de modèles, validation de ceux-ci par les données obtenues, mise en œuvre d'outils informatiques, ouverture sur des problématiques mathématiques théoriques.
2. Les contrats de doctorants et post-doctorants ont été accomplis avec succès.
3. Les collaborations amorcées entre les différents partenaires au cours de ce projet présentent un caractère durable et permettent d'envisager d'autres projets de même type.
4. La valorisation du projet par les workshops et manifestations diverses a permis d'étendre son cadre régional à des collaborations avec des unités françaises et étrangères dont les domaines d'investigation sont complémentaires avec MODEMAVE.
5. La création d'un Master régional « Modélisations mathématiques appliquées à la biologie » a pu être menée à bien en association avec d'autres unités de la région des Pays de la Loire.

H. Coût et plan de financement du projet

- Le projet a-t-il été déposé auprès d'un autre (co)financeur potentiel ? (ANR, autres collectivités, PCRD, fondations...)

Le projet n'a été déposé auprès d'aucun autre (co)financeur.

Le plan de financement de l'opération présenté ci-dessous porte sur les coûts directement induits par le projet (hors salaires permanents et des frais de gestion récurrents des structures) et fait apparaître les financements apportés par les partenaires eux-mêmes, le soutien demandé à la Région des Pays de la Loire et les co-financements obtenus ou attendus.

| Dépenses supplémentaires induites par le projet | | Recettes envisagées et sollicitées | |
|--|-------------------|---|--|
| Types de dépenses | Coût prévisionnel | Financeurs sollicités | Montant de l'aide accordée ou sollicitée |
| Frais de fonctionnement | | | |
| 2 allocations doctorales | 172 000 E | _ AAP « Paris scientifiques régionaux » Région des Pays de la Loire | 172 000 E |
| 2 séjours post-doctoraux d'un an | 91 200 E | _ AAP « Paris scientifiques régionaux » Région des Pays de la Loire | 91 200 E |
| Autres frais de fonctionnement | | | |
| Frais de gestion du projet | 5 000 E | _ LAREMA _ PaVé _ GENHORT | 3500 E 3500 E 3500 E |
| Frais de mission des membres du projet et frais d'invitation de chercheurs étrangers | 30 000 E | _ Matpyl (Fédération de Mathématiques des Pays de la Loire) | 5000 E |
| Organisation de deux workshops en fin de projet | 20 000 E | _ CNRS _ Université d'Angers _ Conseil général | 2500 E 4000 E 3000 E |
| Expérimentation, acquisition de données | 8 000 E | _ INRA _ AAP « Paris scientifiques régionaux » Région des Pays de la Loire | 8000 E 30 000 E |
| Frais d'équipement | | | |
| Serveur de calcul, licences et logiciels divers | 8000 E | _ Opérations du projet STIC et Calculs du CPER 2007-2013 « MoStaPAD » | 8000 E |
| Ordinateurs portables, doctorants et postdoctorants | 6 800 E | _ AAP « Paris scientifiques régionaux » Région des Pays de la Loire | 6 800 E |
| FINANCEMENT DU PROJET | | | 371 000 E |

Sont considérées comme éligibles à un financement de la Région des Pays de la Loire, les coûts additionnels induits par le projet, soit :

En fonctionnement :

- les salaires et charges sociales uniquement des personnels contractuels non titulaires (CDD, post-doctorants, doctorants, stagiaires),
- les frais d'études, d'analyses, de prestations de services réalisées par des entités extérieures à l'organisme, donnant lieu à facturation,
- les frais de mission, de déplacements,
- les consommables et petits matériels de laboratoire,
- les dépenses liées aux actions de valorisation
- les frais de coordination et d'animation du projet de recherche
- les frais de gestion.

En équipement :

- acquisition des équipements nécessaires à la réalisation du projet

I. Précisions à apporter sur les emplois scientifiques susceptibles d'être financés dans le cadre de ce projet

Nombre de nouveaux doctorants envisagés pour la réalisation de ce projet, sujets prévus et laboratoire de rattachement

| Partenaire concerné | Nombre d'allocations doctorales | Sujets envisagés |
|------------------------------|---------------------------------|---|
| GENHORT -- LAREMA -- PaVé | 1 | Modélisation de l'impact de la structure génétique de l'hôte sur l'évolution du pathogène: application à la construction de variétés durablement résistantes. |
| LAREMA -- PaVé | 1 | Modélisation et inférence statistique de phénomènes spatio-temporels en pathologie végétale |
| TOTAL | 2 | |

Nombre de nouveaux post-doctorants envisagés pour la réalisation de ce projet, sujets prévus et laboratoire de rattachement

| Partenaire concerné | Nombre d'allocations post-doctorales | Sujets envisagés |
|------------------------------|--------------------------------------|---|
| GENHORT -- LAREMA -- PaVé | 1 | Coalescence avec mutation et sélection de cultivars ornementaux. |
| GENHORT -- LAREMA | 1 | Graphes et réseaux stochastiques appliqués à la reconstruction de pedigree de plantes ornementales. |
| TOTAL | 2 | |

Nombre de nouveaux CDD envisagés pour la réalisation de ce projet, sujets prévus et laboratoire de rattachement

| Partenaire concerné | Type de CDD (ingénieurs, techniciens, stagiaires,) | Nombre d'emplois envisagés |
|---------------------|---|----------------------------|
| | | |
| | | |
| TOTAL | | |

J. Détail des financements par axe

| Axe opérationnel du projet | Partenaire(s) impliqués (si besoin, préciser les équipes) | Dépenses envisagées sur la durée du projet |
|---|---|--|
| Animation scientifique et gestion administrative du projet | | <p>Frais de fonctionnement</p> <p>Organisation de deux workshops : 20 000 Euros</p> <p>Frais de gestion du projet : 5 000 Euros</p> |
| Actions de valorisation (équivalente à 10% de la subvention régionale) | | <p>Frais de fonctionnement</p> <p>Frais de participation à des manifestations scientifiques, professionnelles, culturelles et éducatives : 20 000 Euros</p> <p>Frais d'équipement</p> <p>Matériel informatique (serveur de calcul et logiciels) : 10 000 Euros</p> |
| Axe 1. Modélisation de l'impact de la structure génétique de l'hôte sur l'évolution du pathogène: application à la construction de variétés durablement résistantes. | LAREMA GENHORT PaVé LISA | <p>Frais de fonctionnement</p> <p>1 doctorant : 86 000 Euros</p> <p>Séjours scientifiques : 6000 Euros</p> <p>Frais d'équipement</p> <p>Matériel informatique (ordinateurs portables) : 2000 Euros</p> <p>Expérimentation, acquisition de données : 4600 Euros</p> |
| Axe 2. Modélisation et inférence statistique de phénomènes spatio-temporels en pathologie végétale. | LAREMA GENHORT PaVé | <p>Frais de fonctionnement</p> <p>1 doctorant : 86 000 Euros</p> <p>Séjours scientifiques : 6000 Euros</p> <p>Frais d'équipement</p> |

| | | |
|---|------------------------------------|---|
| | | <p>Matériel informatique (ordinateurs portables) : 2000 Euros</p> <p>Expérimentation, acquisition de données : 4600 Euros</p> |
| <p>Axe 3. Application des théories du branchement et de la coalescence à l'étude du pedigree de certains de végétaux en vue de son utilisation en sélection variétale.</p> | <p>LAREMA GENHORT PaVé</p> | <p>Frais de fonctionnement</p> <p>2 postdoctorants : 91 200 Euros</p> <p>Séjours scientifiques : 6000 Euros</p> <p>Frais d'équipement</p> <p>Matériel informatique (ordinateurs portables) : 2000 Euros</p> <p>Expérimentation, acquisition de données : 4600 Euros</p> |
| <p>Enveloppe non affectée</p> | | <p>Equivalente à 5% de la subvention régionale</p> <p>15 000 Euros</p> |