

Modélisation des relations $C \times N$ (carbone/azote) chez *Arabidopsis thaliana*.

Encadrement : Charlotte Baey (Laboratoire Paul Painlevé, Université de Lille), Céline Richard-Molard (UMR E

Contexte

L'adaptation d'une plante à la quantité d'azote disponible dépend d'un certain nombre de facteurs environnementaux et génétiques. L'azote jouant un rôle essentiel dans plusieurs processus métaboliques et dans la production de biomasse, il est alors nécessaire de prendre en compte l'effet d'un excès ou d'un déficit en azote lorsque l'on modélise la croissance d'une plante. À cet effet, un modèle de type *structure-fonction* (i.e. permettant de combiner la description du développement de la structure de la plante et son fonctionnement à travers les différents processus éco-physiologiques mis en jeu) a été proposé pour *Arabidopsis thaliana* [Richard-Molard et al., 2009]. Ce modèle permet de modéliser le processus de croissance comme un système dynamique, en partant d'un état initial X_0 correspondant au début du régime autotrophe (i.e. lorsque la plante ne dépend plus des réserves de la graine). Plus précisément, si on représente l'état de la plante au jour t à l'aide d'un vecteur X_t (contenant par exemple la masse des feuilles, des racines, la quantité d'azote dans les feuilles, ...), on peut écrire :

$$\text{condition initiale : } X_0 \tag{1}$$

$$\text{système dynamique : } X_t = f(X_{t-1}), \tag{2}$$

où f représente le modèle de croissance. Ce premier modèle a été implémenté sous Python.

Une extension de ce modèle a été proposée il y a quelques années (travaux non publiés), permettant de partir d'un état initial de la plante situé au moment de la levée. Ce deuxième modèle a été codé sous C++.

Objectif

L'objectif du stage est de combiner ces deux versions tout en proposant une simplification du code Python initial. En effet, le code a été écrit sous Python 2, et la nouvelle version combinant les deux versions précédentes du code devra être développée en Python 3.

En fonction du temps et des envies du candidat, on pourra s'orienter dans un second temps dans l'une des directions suivantes : i) mettre au point une interface utilisateur sur la base de l'interface précédente, ii) intégrer une partie des méthodes statistiques développées dans le code C++, ou iii) adapter et valider le modèle sur le colza.

Pré-requis : Niveau M1 en bioinformatique, ou écologie/agronomie avec un fort intérêt pour l'informatique. Maîtrise de Python et bonne connaissance de C++. Un goût pour les applications en agronomie.

Durée du stage : 3 à 4 mois à partir de mars-avril. Possibilité de gratification selon les grilles de la fonction publique, en fonction de la durée du stage (550€/mois). Le stage sera basé à l'université de Lille (laboratoire Paul Painlevé).

References

C. Richard-Molard, F. Brun, M. Chelle, and B. Ney. Modelling n nutrition impact on plant functioning and root architecture in various genotypes of *arabidopsis thaliana*. *Comparative Biochemistry and Physiology-A-Molecular and Integrative Physiology*, 153(2):2, 2009.