

CDD de 6 mois en génie informatique à l'INRAE (France), en région parisienne

<u>Titre de la mission:</u> Implémentation informatique d'un outil statistique pour la prédiction de variables à partir d'un modèle dynamique. Application à la prédiction d'interaction génotype-environnement à partir de données de phénotypage et d'un modèle écophysiologique de la plante.

Projet financeur:

Amaizing est un projet de neuf ans (2011-2021) soutenu par l'Agence Nationale de la Recherche (ANR) au titre du programme Investissements d'avenir. Il implique 23 partenaires : 14 unités mixtes de recherche publiques rattachées à différents centres INRAE à travers la France, 8 sociétés et coopératives privées, et 1 institut technique. Il a pour objectif de développer les connaissances, les méthodes de sélection et les pratiques agricoles nécessaires au développement de variétés de maïs à haut rendement et présentant une valeur environnementale améliorée. Il repose sur un large partenariat entre les acteurs clés de la filière française du maïs. Le fort partenariat privé facilitera le transfert et l'utilisation des connaissances, des ressources et des méthodes issues du projet pour l'obtention de variétés et de produits, permettant de soutenir la compétitivité des filières de production et de valorisation du maïs en France.

<u>Début</u>: à partir de octobre 2020 ; durée : 6 mois.

Encadrants: Estelle Kuhn (INRAE, UR MalAGE) et Jean-Benoist Leger (UTC, UMR CNRS Heudiasyc)

Détails:

Un objectif important du projet *Amaizing* est de permettre des avancées significatives dans les méthodes de prédiction de valeurs agronomiques dans des environnements divers, en s'appuyant sur un modèle de culture décrivant le processus de croissance de la plante. La modélisation mathématique et les méthodes statistiques tant d'inférence, de prédiction que de validation jouent un rôle clé pour la paramétrisation de ce modèle. Des méthodes innovantes ont été proposées pour estimer les paramètres du modèle caractéristiques de centaines de génotypes en utilisant des données hétérogènes provenant à la fois d'essais de plein champ et de plateformes de phénotypage. Ces méthodes ont été implémentées au sein d'un code informatique en Python.

Dans ce contexte, l'unité INRAE MalAGE propose un poste de six mois pour un informaticien dans le but d'implémenter un pipeline pour l'estimation des paramètres pour le modèle de culture APSIM à partir des données expérimentales. Il s'agira de mettre en place une architecture sur la plateforme de bioinformatique Migale de l'INRAE pour déployer et distribuer les évaluations du modèle de culture APSIM dans le cadre d'un algorithme d'estimation existant, puis optimisation et benchmark de cet algorithme.

Qualifications requises:

- diplôme d'ingénieur ou de master en génie informatique
- maîtrise du langage Python et du système Linux
- compétences en C++, chaine de compilation C++ et C# bienvenues
- qualités de communication orale et écrite en français et/ou anglais
- autonomie et aptitude pour le travail en équipe et les collaborations inter-disciplinaires

Durée: 6 mois, à partir de octobre 2020

<u>Précisions sur le poste</u> : CDD sur contrat de recherche, rémunération selon expérience, à partir de 1995 €/ mois (brut)

Localisation:

- INRAE, Unité de Mathématique et Informatique Appliquées de Génôme à l'Environnement (UR 1014 MalAGE), Jouy en Josas, France, https://maiage.inrae.fr/fr

Contacts et modalités de candidature :

Estelle Kuhn, INRAE MalAGE, +33(1) 34 65 27 01, Estelle.Kuhn@inrae.fr

Des demandes d'information peuvent être adressées par courrier électronique. Pour candidater, envoyer svp une lettre de motivation et un CV détaillé.