

## Méthodes et outils bioinformatiques pour la méta-analyse de QTL : Intégration des méta-QTL, des cartes physiques et des séquences de génome

Ce projet porte sur le développement d'outils bioinformatiques pour stocker et exploiter des données génomiques de plantes, notamment sur le blé et le maïs.

D'une durée de 3 ans, du 1<sup>er</sup> janvier 2009 au 31 décembre 2011, il a été sélectionné et reçoit une aide financière de l'Agence Nationale de la Recherche, dans le cadre du programme de Génomique.

### Le contexte du projet

Au cours des dernières années, de nombreux programmes ont produit énormément de données génétiques et génomiques<sup>(1)</sup>. Pour tirer pleinement partie de ces données, il est aujourd'hui nécessaire de les intégrer à plusieurs niveaux de résolution.

La cartographie de QTL<sup>(2)</sup> est généralement réalisée à partir de plusieurs types de populations. Des méthodes d'intégration de QTL ont été développées pour capitaliser sur l'ensemble des résultats obtenus et prédire plus précisément la position de QTL. D'autres méthodes ont également été mises au point pour construire des cartes génétiques consensus, facilitant la recherche de co-localisations entre gènes candidats et QTL.

Les nouveaux développements bioinformatiques proposés seront utiles à une large communauté scientifique, tout en satisfaisant les particularités de différentes espèces végétales. Pour garantir la pertinence de ces nouveaux outils, ce projet propose de rassembler un large panel de généticiens et de génomiciens s'intéressant à différentes espèces (maïs, blé, pêcher, abricotier, chêne, peuplier). Ces chercheurs contribueront à la définition du cahier des charges, aux développements méthodologiques nécessaires et à la validation des nouvelles versions de logiciel et de bases de données.

Les nouveaux outils créés par ce projet seront directement exploités dans plusieurs projets de R&D parmi lesquels GrasBioFuel<sup>(3)</sup>, HyperMaize<sup>(3)</sup>, SharCo et seront également utiles dans les programmes de Biogemma et Syngenta.



(1) Génomiques : étude du fonctionnement d'un organisme à l'échelle de son génome

(2) QTL locus de caractères quantitatifs : région plus ou moins grande d'ADN qui est étroitement associée à un caractère quantitatif, c'est-à-dire une région chromosomique où est localisé un ou plusieurs gènes à l'origine du caractère en question

(3) : labellisés par Céréales Vallée