

Année de l'AAP : 2008

Projet N° 0803-013 Achevé

Titre : Développer un cadre statistique d'analyse des interactions génotype-environnement dans des études d'association

Unités responsables du projet : DIADE (Diversité, Adaptation et développement des Plantes) (IRD, UMII), Institut de Diversité Génomique, Université de Cornell, USA

Porteurs de projet : Yves Vigouroux (yves.vigouroux(a)mpl.ird.fr), Anne-Céline Thuillet (DIADE) et Edward Buckler (Université de Cornell)

Pays associés au projet : USA

Sous-axes thématiques : BIP-1: Génétique et génomique, amélioration des plantes, écophysiologie

Objectifs :

Au cours des cinq dernières années, de nouvelles méthodologies prometteuses sont apparues afin d'identifier les gènes importants pour l'adaptation des plantes : 1) des méthodes d'identification de la signature d'événements de sélection pour un grand nombre de marqueurs et de gènes ; 2) la détection d'associations entre la variation phénotypique et le polymorphisme génétique dans des populations structurées, ce qu'on appelle les études d'association.

Les études d'association offrent de nouvelles possibilités d'évaluation du rôle d'un gène particulier dans un phénotype. Par rapport aux analyses LCQ, qui travaillent sur la descendance de deux parents connus, ces études ont l'avantage de prendre en compte une plus grande diversité et de s'appuyer sur un matériau beaucoup plus recombiné. Le laboratoire DIAPC participe à une analyse d'association sur le mil (*Pennisetum glaucum* L.) destinée à étudier la base génétique des différences de temps de floraison entre variétés. La stratégie s'appuie sur l'observation de la variabilité de la floraison dans le temps, d'une part, et du polymorphisme existant sur les gènes candidats, d'autre part. La recherche d'associations entre les variabilités phénotypique et génétique nécessite des modèles statistiques appropriés. L'état actuel du dispositif statistique correspondant permet de prendre en compte la structure de la population et l'existence d'une parenté en son sein. À ce jour, les termes d'interaction du modèle ne sont pas pris en considération. Néanmoins, des interactions génotype x environnement et/ou structure/parenté x environnement peuvent exister et interférer avec notre capacité à détecter les associations génotype-phénotype. En outre, ignorer ces interactions limite notre compréhension de l'expression de traits complexes.

La recherche proposée permettra d'évaluer la possibilité et/ou les limites de la détection d'interactions génotype x environnement dans des populations génétiquement structurées.

Actions menées et résultats obtenus :

Dans le cadre de ce projet, nous avons développé et évalué un modèle statistique visant à détecter des associations entre génotype et phénotype. Ce modèle est basé sur un modèle mixte d'association génotype/phénotype prenant en compte la structure des populations et l'apparentement des individus. L'originalité de ce projet est d'étendre ce modèle en prenant en compte l'interaction entre le génotype et l'environnement. Nous avons tout d'abord cherché à évaluer la capacité du modèle statistique à détecter un effet d'interaction. Pour cela, nous avons simulé des jeux de données dans lesquels des interactions entre gène (SNP) et environnement sont présentes. Puis nous avons analysé ces jeux de données à l'aide de notre modèle statistique. Cette analyse permet d'identifier les conditions dans lesquelles ces effets d'interaction gène et environnement sont détectables. Enfin, dans un deuxième temps, nous avons appliqué ces modèles à des jeux de données génétiques réelles aussi bien chez le mil que chez le maïs et mis en évidence l'effet de l'interaction de SNP avec l'environnement sur certains gènes de floraison.

Perspectives :

La compréhension de la relation entre génotype et phénotype est centrale dans de nombreuses problématiques comme comprendre le déterminisme des maladies chez l'homme ou permettre des développements de variétés améliorées. L'intégration de données environnementales dans les modèles statistiques ainsi que des interactions entre gènes est nécessaire au développement de modèles prédictifs des phénotypes à partir des données génétiques. Un des défis de ces approches est de se confronter à des jeux de données de plus en plus importants. Une des perspectives est de réfléchir à l'intégration de données à l'échelle du génome pour ces études.

Financement total par Agropolis Fondation : 6 240 € (frais de déplacement pour un doctorant)

Catégorie(s) de soutien : soutiens divers (soutien pour le financement de déplacements de doctorants et de post-doctorants à l'étranger)

Durée du projet : 15 janvier 2009 – 31 décembre 2009

Mots clés : statistiques – génotypes – environnement – études d'association