

- Profil de recrutement ASC -

INTITULE DU SUJET DE THÈSE:

Analyse à grande échelle du déterminisme de caractères quantitatifs chez les végétaux : méta-analyse de QTL et études d'association

OBJECTIFS SCIENTIFIQUES :

De nombreux caractères d'intérêt chez les végétaux ont un déterminisme polygénique. Le développement récent de la génomique permet d'envisager l'identification de ces gènes. Le projet porte sur deux approches complémentaires. La première vise à préciser la position des locus (QTL) impliqués dans la variation d'un caractère, en prenant en compte l'ensemble des informations disponibles (différentes populations, conditions environnementales ...), au travers d'une approche de " méta-analyse ". Elle est destinée à faciliter la mise en œuvre d'un clonage positionnel ou l'identification de gènes " candidats " cartographiés dans les régions en cause. La seconde vise à tester, au sein de populations représentant une grande diversité génétique, les associations entre le polymorphisme de séquence des gènes et la variation des caractères. Elle contribuera à la validation la fonction de gènes candidats et permettra d'identifier des formes alléliques particulièrement intéressantes. Ces deux approches supposent des développements méthodologiques, notamment pour prendre en compte le déséquilibre de liaison entre locus. Elles seront appliquées à des données expérimentales obtenues chez le maïs.

COMPETENCES RECHERCHEES (*type d'école doctorale; discipline de formation initiale*) :

Formation en génétique quantitative ou(et) génétique des populations. Intérêt pour la modélisation. Connaissances et aptitudes en statistiques. Des compétences en programmation ne sont pas indispensables en début de thèse mais devront être acquises pour réaliser des simulations et des analyses statistiques.

RESUME DU SUJET DE THÈSE:

Le projet vise à utiliser l'ensemble des résultats d'expériences ayant conduit à supposer dans une zone du génome la présence de gène(s) impliqués dans la variation d'un caractère quantitatif. L'effet de la liaison entre plusieurs gènes sera étudié plus précisément. Il s'agira ensuite d'étudier la relation entre le polymorphisme des séquences des gènes et la variation des caractères d'intérêt, pour contribuer à valider leur fonction et identifier les formes alléliques plus intéressantes.

REFERENCES	UNITE D'ACCUEIL 1	UNITE D'ACCUEIL 2
Intitulé :	INRA/UPS/CNRS/INA PG Station de Génétique Végétale	INRA - Unité de Biométrie et intelligence artificielle
Directeur : Adresse :	D. de Vienne Ferme du Moulon 91190 Gif-sur-Yvette	B. Mangin Auzeville BP 27 31326 Castanet
EQUIPE D'ACCUEIL (objectifs, partenaires, moyens à disposition):	Equipe " Génétique quantitative et méthodologie de la sélection " : contribution aux développements méthodologiques et mise à disposition des données utilisées	Equipe " Statistique et informatique appliquées à la génétique et la biologie moléculaire " : environnement en statistiques et informatique, mise à disposition de moyens de calcul importants

RESPONSABLE A CONTACTER avant tout acte de candidature:

Nom : Alain Charcosset / Bruno Goffinet
Téléphone : 01 69 33 23 35 / 05 61 28 50 69
Fax : 01 69 33 23 40 / 05 61 28 52 80.....
e-mail : charcos@moulon.inra.fr; goffinet@toulouse.inra.....

