



HAL
open science

Détection de QTL : Interaction entre dispositif expérimental et méthodes statistiques

Dana D. Roldan

► **To cite this version:**

Dana D. Roldan. Détection de QTL : Interaction entre dispositif expérimental et méthodes statistiques. 12. Séminaire des Thésards du Département de Génétique Animale, Apr 2010, Pornichet, France. pp.1-1. hal-02824751

HAL Id: hal-02824751

<https://hal.inrae.fr/hal-02824751>

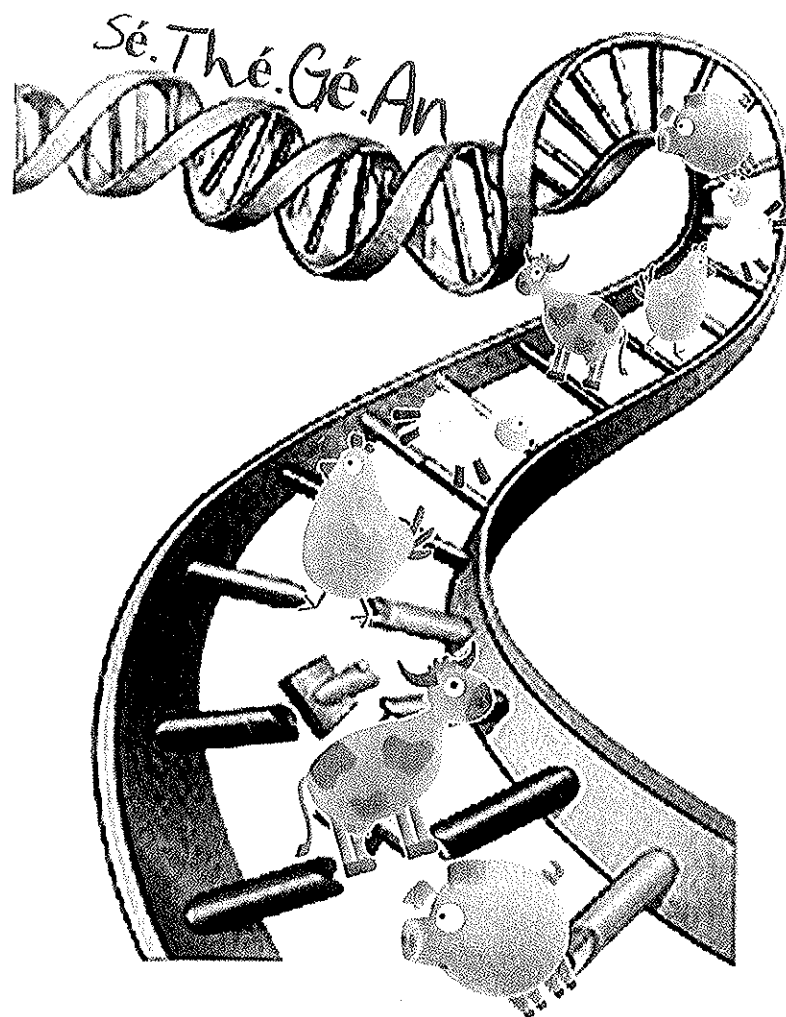
Submitted on 6 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

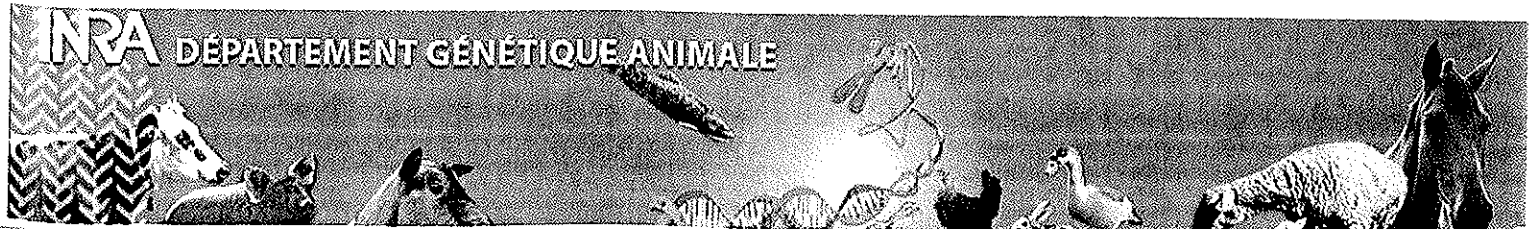
12^{ème} Séminaire des Thésards du Département de Génétique Animale

6 et 7 Avril 2010 – Pornichet



UMR Génétique Animale GAREn
65, rue de Saint Briec, 35042 Rennes
www.rennes.inra.fr

INRA DÉPARTEMENT GÉNÉTIQUE ANIMALE



ROLDAN Dana

Unité SAGA

Adresse Centre INRA de Toulouse

Téléphone +33561285188

Mail Dana.Roldan@toulouse.inra.fr

Détection de QTL : interactions entre dispositifs expérimentaux et méthodes statistiques

Dates de Début – Fin de thèse : septembre 2007-septembre 2010

Dernier diplôme : Agronome; puis, Master en biométrie (université de Buenos Aires)

Université d'affiliation : Université Paul Sabatier

Encadrant(s) J. M. Elsen

Comité de thèse (Noms et affiliations) : Jean Michel Elsen (SAGA, INRA Toulouse), Eduardo Manfredi (SAGA, INRA Toulouse), Miguel Pérez-Enciso (Université Autonome de Barcelona), Juliette Riquet (LGC, INRA Toulouse), Andrés Legarra (SAGA, INRA Toulouse).

Financements (% prévu pour chaque partenaire) : 100% INTA (Argentine)

SUJET de THESE

La détection de QTL nécessite une planification expérimentale qui peut évoluer en fonction de la densité des cartes. L'objectif de la thèse est l'identification des zones du génome expliquant la variabilité en exploitant soit la co-ségrégation, intra famille, de marqueurs moléculaires et de caractères quantitatifs (analyses de liaison, LA) soit le déséquilibre de liaison (LDLA) réalisé.

Le travail se concentre sur une situation où un protocole de primo localisation par analyse de liaison a donné des premiers résultats, qu'il faut affiner (en termes de localisation du QTL). Le protocole de primo localisation consiste en un ensemble de familles de demi-frère de père, avec une application a des ovins Mérinos mesures sur des caractéristiques de la laine.

Dans la première partie, plusieurs analyses avec différentes méthodologies ont été réalisées dans le cadre de l'analyse de liaison. i) l'hypothèse de un QTL affectant un caractère a été retenue pour plusieurs caractères de production de laine pour des marqueurs localises sur OAR1 et sur OAR11 Un QTL a aussi été détectée sur le OAR4. ii) les tests de l'hypothèse de deux QTLs contrôlant un caractère ont confirmé le resultat précédents et démontré la présence d'un autre QTL sur OAR11. iii) l'existence de QTLs pleiotropes (qui contrôlent plus d'un caractères) a été retenue pour OAR1.

Dans la deuxième partie, des populations possédant des structures familiales et des informations marqueurs correspondant aux données réelles ont été simulées en supposant un déséquilibre de liaison, afin de mesurer ce que peut apporter les méthodes LDLA dans ce contexte. L'efficacité du LDLA par rapport au LA (évaluée en terme de précision de la localisation), a été établie avec des comptages du type biais et MSE.

Formations suivies au cours de la thèse

- Détection de Quantitative Trait Loci chez les animaux d'élevage (Agrocampus Rennes; 2007)
- Analyse génétique de caractères complexes dans le domaine animal (Agrocampus Rennes; 2007)
- Multifactorial Genetics. (Universités Paris XI, Paris VII et AgroParisTech-European_ Master of Animal Breeding and Genetics; 2008).
- Genomic Selection. (Dr. Ben Hayes; Université Politécnica de Valencia-Espagne; 2009)
- Outils informatiques mis en oeuvre pour le traitement de l'information des puces SNP et la détection de QTL. (Dr. François Guillaume ; SAGA-INRA Toulouse ;2009)
- Analyse en génétique des populations. (Dr. Natacha Nikolic et Dr. Claude Chevalet ; UPS-LGC INRA Toulouse ; 2010)

Publications

Roldan, D L , A.M Dodero, F Bidinost, H R Taddeo ,D Allain, M A Poli and J M Elsen . 2010. Merino sheep: a further look at quantitative trait loci for wool production (Accepted Manuscript number: ANIMAL-09-10558.