



NUMÉRIQUE POUR LES  
PRODUCTIONS VÉGÉTALES



# ATLAS

Architecture bioinformatique pour construire et exploiter le catalogue d'allèles des espèces cultivées

# ATLAS

## OBJECTIF

**Explorer et exploiter la diversité des espèces cultivées au travers de leur catalogue d'allèles**

## CONTEXTE

Les espèces cultivées sont massivement séquencées depuis deux décennies. Pour identifier les gènes impliqués dans les traits d'intérêt seulement un sous ensemble des données disponibles est utilisé et seuls les polymorphismes les plus simples avec un génome de référence sont exploités.

## PERSPECTIVES DE VALORISATION POUR LES PARTENAIRES

A travers un ATLAS d'allèles, la caractérisation plus exhaustive et précise des séquences des allèles des gènes de l'espèce cultivée offre de nombreuses possibilités pour mieux exploiter la diversité. L'identification des séquences d'haplotypes permet de définir les blocks haplotypiques, d'identifier les génotypes introgressés et les génotypes avec de nouveaux allèles de gènes d'intérêt. Les alignements multiples de séquences d'haplotypes permettent le design de marqueurs moléculaires avec une connaissance très précise de leur portabilité. L'entraînement de modèles basés sur l'apprentissage automatique permet d'identifier les gènes majeurs impliqués dans un trait mais aussi de prédire la valeur de trait pour les génomes non encore caractérisés.

CONTACT PARTENARIAL

[plant2pro@instituts-carnots.fr](mailto:plant2pro@instituts-carnots.fr)

CONTACT  
SCIENTIFIQUE

JÉRÔME GOUZY  
INRAE  
[jerome.gouzy@inrae.fr](mailto:jerome.gouzy@inrae.fr)

