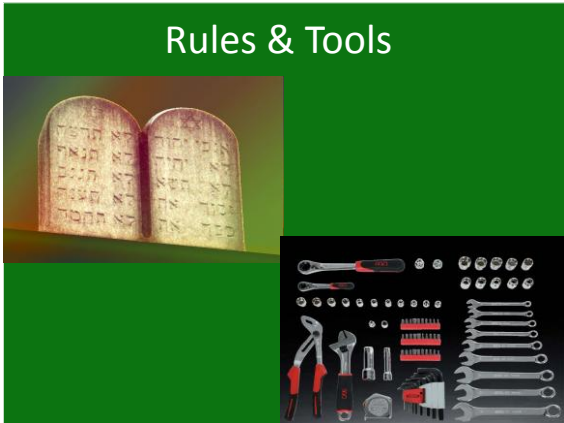


Rules & Tools

Un projet ANR 2010-2013



Séminaire de Rennes, 24-26 juin 2013



Objectifs du projet

Motivation

- Manque historique d'investissement du DGA
 - Efforts récents substantiels mais dispersés
 - Montagnes de données SNP à traiter
 - Potentiel humain, logiciel et biologique considérable
- ↓
- Coordonner nos efforts : « créer une communauté »
 - Rattraper notre retard par l'échange et la formation
- ↓
- Devenir producteur de méthodes
 - Disséquer nos données

Objectifs du projet

Formulation

- Améliorer les méthodes statistiques et les outils informatiques pour la dissection de la variabilité génétique des caractères quantitatifs chez les animaux de ferme à l'aide de puces SNP.

Objectifs du projet

Formulation

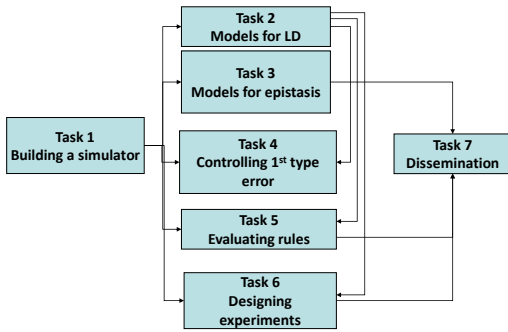
- Améliorer les méthodes statistiques et les outils informatiques pour la dissection de la variabilité génétique des caractères quantitatifs chez les animaux de ferme à l'aide de puces SNP.
 - ✓ modèles de description des performances
 - ✓ difficultés statistiques non résolues
 - ✓ efficacité relative des méthodes disponibles
 - ✓ planification expérimentale

Objectifs du projet

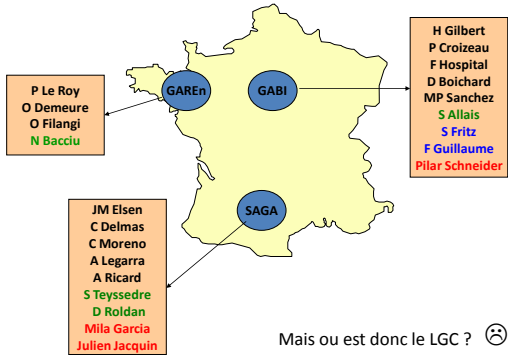
Formulation

- Améliorer les méthodes statistiques et les outils informatiques pour la dissection de la variabilité génétique des caractères quantitatifs chez les animaux de ferme à l'aide de puces SNP.
- Une place importante sera donnée au développement logiciel pour faciliter le transfert technologique ainsi qu'à l'émergence d'une expertise collective

Objectifs du projet Division en tâches

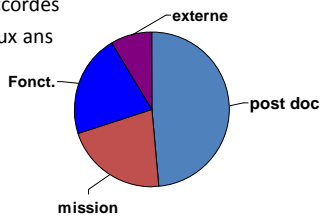


Participants



Moyens

- 36 mois à compter du 1/1/2010
- 387 000 euros demandés
- 327 000 euros accordés
- 2 post doc de deux ans



Production scientifique

1. Chapuis G., Elsen J.M., Filangi O., Lavenier D., Le Roy P., 2010. GPU accelerated QTLMap QTLMAS Workshop 2011, p.28. Rennes, France
2. Filangi O., Moreno C., Gilbert H., Legarra A., Le Roy P., Elsen J.M., 2010. QTLMap, a software for QTL detection in outbred populations. 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Leipzig, Germany, August 1-6, 787 (Oral).
3. Chapuis G., Filangi O., Elsen J.M., Lavenier D., Le Roy P., 2012. Accelerating QTL mapping with graphics cards. Journées Ouvertes en Biologie, Informatique et Mathématiques, Rennes, France, July 3-6, 351 (Poster 55).
4. Demeure O., Filangi O., Gilbert H., Moreno C., Legarra A., Elsen J.M., Le Roy P., 2012. Linkage analysis of the XVth QTLMAS simulated dataset using QTLMap. 16th QTLMAS Workshop, Alghero, Italy, May 24-25 (Oral).
5. Filangi O., Bacciu N., Demeure O., Legarra A., Elsen J.M., Le Roy P., 2012. Finding gene to genome epistatic effects. 63rd EAAP Annual Meeting, Bratislava, Slovakia, August 27-31, 355 (Oral).
6. Monsoor M., Neau A., Souchal M., Nugier S., Laperruque F., Iannuccelli E., Le Roy P., Ricard E., Robelin D., Filangi O., 2012. QGP - Quantitative Genetics Platform. A high performance computing solution for quantitative genetics software. Journées Ouvertes en Biologie, Informatique et Mathématiques, July 3-6, Rennes, France, 347 (Poster 53).
7. Jacquin J., Elsen J.M., Gilbert H., 2012. Predicting QTL allele identity between chromosomes: impact on mapping accuracy. 3rd ICQG workshop, Edinburgh, Scotland, June 18-22 (Poster).
8. Colombani C., Croiseau P., Hozé C., Fritz S., Guillaume F., Boichard D., Legarra L., Ducrocq D. and Robert-Granié C., 2011. Could genomic selection methods be efficient to detect QTLs? Application in French dairy cattle. 2011, 15th QTLMAS workshop, Rennes, may
9. Teyssèdre S., Elsen J.-M., Ricard A., 2010. Robustness and power of single-SNP analysis in populations with related individuals. QTLMAS Workshop, 17-18 May 2010, Poznan, Poland.
10. Teyssèdre S., Elsen J.-M., Ricard A., 2011. Power and robustness of single-SNP analysis in family structured populations. European Mathematical Genetics Meeting (EMGM), 11-12 April 2011, King's College London, Great Britain.
11. Van den Berg L., Boichard D., 2012. The influence of heritability, number of QTL and number of records on QTL mapping with Bayes C π . QTLMAS Workshop 2012, Alghero, Italy, May 24-25 (Oral).
12. Jones D., Hozé C., Croiseau P., 2012. Implementation and test of a new LDLA model to detect and localize QTL with a higher accuracy. QTLMAS Workshop 2012, Alghero, Italy, May 24-25 (Oral).
13. David I., Elsen J.M., Concordet D., 2012. CLIP Test: a new fast, simple and powerful method to distinguish between linked or pleiotropic quantitative trait loci in linkage disequilibrium analysis. 3rd ICQG workshop, Edinburgh, Scotland, June 18-22 (oral).

Production scientifique

1. Monsoor M., Neau A., Souchal M., Nugier S., Laperruque F., Iannuccelli E., Bitteur S., Le Roy P., Ricard E., Robelin D., Filangi O., 2012. QGSP: Quantitative Genetics Software Platform. Plateforme de diffusion des logiciels produits par le département GA. Version en production à l'URL <http://qgsp.jouy.inra.fr>.
2. Legarra A., Ricard A., Filangi O. 2012. GS3. Genomic Selection , Gibbs Sampling , Gauss Seidel. GNU - licensed, available at: <http://snp.toulouse.inra.fr/~alegarra/>
3. Le Roy P., Elsen J.M., Gilbert H., Moreno C., Legarra A., Filangi O., 2010. QTLMap, Logiciel référencé sous licence CeCILL-version 2 (type GPL) et déposé auprès de l'APP le 23.04.2010 au nom de l'INRA IDDN.FR.001.160029.000.R.C.2010.000.31235..

Ce séminaire

Objectif : vous faire connaître les logiciels
qui ont bénéficié du support Rules&Tools pour leur développement

Matin : un peu de théorie
Après midi : des TP sur logiciels

Lundi	Analyse d'association (GWAS) contrôle des erreurs prévision de puissance	Müller Robpower
Mardi	Déséquilibre de liaison Approche génomique	LDSO GS3
Mercredi	Analyse de liaison	QTLMap

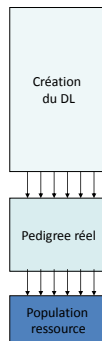
Considérations pratiques

Début à 9h00 mardi-mercredi
 Pause à 10h30, repas à 13h15
 TP à partir de 14h30 dans 3 salles différentes
 Dîner demain soir à la campagne
 Fin du cours mercredi à 17h00

Tache 1 : Simulateur

Point de départ : LDSO (Ytournal et al (2008)) ; routines de F Guillaume

Production prévue : générer des populations identiques (au moins en terme de pedigree) à des populations réelles, montrant une structure de DL générée par une histoire de mutation, sélection croisement et dérive paramétrisée par l'utilisateur



Tache 2 : Modélisation du DL

Comment calculer les proba(IBD)?

- Sous-tache 1 : exploration de méthodes d'estimation des proba d'IBD conditionnellement aux haplotypes (taille des haplotypes ? Méthode de classification ?)
- Sous-tache 2 : combinaison d'informations populationnelle et pedigree dans le calcul des probabilités d'IBD
- Sous-tache 3 : calcul des probabilités d'IBD dans les populations croisées (combinaison de DL au court et long terme)

Tache 3 : Modélisation de l'épistasie

Vers une approche non additive

- Sous-tache 1 : généralisation des méthodes MIM aux populations outbred (effets additifs)
- Sous-tache 2 : comparaison de méthodes décrivant l'épistasie (interaction entre 2 ou n locus, interaction entre un locus et le reste du génome)
- Sous-tache 3 : illustration en poulet

Tache 4 : Contrôle des faux positifs

Objectiver les décisions

- Sous-tache 1 : loi de la stat de test sous H0 compte tenu des corrélations entre localisations testées (en LA, LDA ou TSA)
- Sous-tache 2 : loi de la stat de test sous H1 (Q QTL)
- Sous-tache 3 : lissage des signaux

Tache 5 : Comparaison des méthodes LD et LDLA

GRAMMAR ? QTD ? FBAT ? M&G ?

- Sous-tache 1 : analyse de la robustesse des méthodes LDLA par rapport aux méthodes LD
- Sous-tache 2 : comparaison de quelques méthodes disponibles (puissance, robustesse, précision, vitesse) sur données réelles et simulées

Tache 6 : Planification des expériences

- Comment faut il structurer la population expérimentale dans le contexte des animaux de ferme (apparentements importants, DL à longue distance) ?
- Quelle densité de marqueurs ?

Tache 7 : « Dissémination »

- Accroître les interactions entre équipes
- Développer des logiciels amicaux
- Organiser des journées chercheurs
