



RÉPUBLIQUE
FRANÇAISE

Liberté
Égalité
Fraternité

INRAE

université
PARIS-SACLAY



UMR0320

INRAE, AGROPARISTECH, CNRS, UNIVERSITÉ PARIS-SACLAY

Génétique quantitative et évolution – Le Moulon (GQE–Le Moulon)

Direction

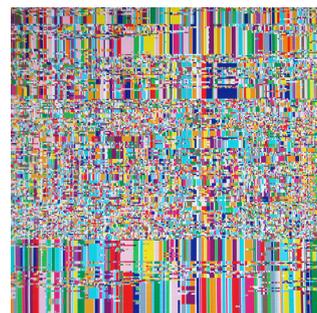
Christine DILLMANN, directrice
Alain CHARCOSSET, dir. adjoint
Maud TENAILLON, dir. adjointe
Karine ALIX, chargée de mission
enseignement

Quelques chiffres

- 28 chercheurs et enseignants-chercheurs
 - 20 doctorants et post-doctorants
 - 20 ingénieurs
 - 16 techniciens et administratifs
-
- 1 plateforme
 - 1 serre de 100 m²
 - 25 ha de surfaces expérimentales
 - 10 m² de chambres de cultures

Mission et objectifs

L'UMR est membre fondateur de l'Institut Diversité, Écologie, Évolution du Vivant (IDEEV). Elle mène des recherches originales sur les déterminants génétiques et environnementaux de la variation des caractères complexes au niveau intra- et interspécifique pour comprendre et prédire leur évolution, avec un intérêt particulier sur la question de l'adaptation des plantes cultivées à leur environnement biotique et abiotique. Nous intégrons différentes échelles – des phénotypes moléculaires à ceux décrivant la valeur sélective des individus – dans une démarche de biologie des systèmes. Les enjeux sociétaux sont la prédiction de la capacité des populations et espèces actuelles à répondre aux changements climatiques, et la proposition de méthodes de sélection innovantes pour l'agriculture de demain, en lien avec les sciences participatives.



Notre excellence scientifique repose sur nos compétences pluridisciplinaires (de la production de données génomiques et phénotypiques jusqu'à la modélisation mathématique), la production de matériel génétique innovant, et l'existence d'infrastructures partagées originales.

L'UMR héberge la Plateforme d'Analyse Protéomique de Paris Sud-Ouest (PAPPSO). Le pôle Atelier de Bioinformatique et Informatique (ABI) regroupe différents métiers de l'informatique : support systèmes, bases de données et logiciels, bioanalyse. L'équipe Atelier Cartographie, Expression et Polymorphisme (ACEP) développe et assure des services de génotypage et cartographie génétique.

Plusieurs équipes de recherche s'impliquent dans la réalisation de croisements, de production de matériel et d'évaluation en champ ou en conditions plus contrôlées, en partenariat étroit avec l'Unité Expérimentale Versailles-Saclay.



Centre
Île-de-France - Versailles-Grignon



Route de Saint-Cyr
78000 Versailles
Tél. : + 33 (0)1 30 83 00 00

www.inrae.fr/centres/ile-france-versailles-grignon



RÉPUBLIQUE
FRANÇAISE

Liberté
Égalité
Fraternité

INRAE

université
PARIS-SACLAY



UMR0320

IT

Sciences Végétales, Diversité,
Santé & Biotechnologies

IT

Agroécosystèmes
& Environnement

IT

Sciences du Numérique &
Modélisation des Systèmes

Identifiants Thématiques

Recherches

Génomique évolutive – Décrire les caractéristiques génomiques de différentes espèces, en lien avec leurs capacités d'adaptation, pour comprendre la diversité intra-spécifique.

Les travaux phares concernent la description de ressources génétiques maïs et blé pour différents polymorphismes génétiques et épigénétiques et leur lien avec des caractères d'adaptation. Nous utilisons l'évolution expérimentale et la modélisation pour comprendre les dynamiques adaptatives. Enfin, nous menons des recherches sur la mise en place des barrières reproductives lors de la domestication.

Adaptation à l'environnement – Comprendre et prédire, au niveau populationnel, les interactions entre une espèce et les différentes composantes de son environnement, incluant les interactions plante-plante, et plante-plante-système de culture.

Nous développons pour cela des approches expérimentales, des modèles mathématiques avec une forte composante écophysiologique et/ou épidémiologique, et des modèles statistiques basés sur la génétique quantitative. Nos modèles sont la tolérance à la sécheresse (maïs), les mélanges variétaux ou mélanges d'espèces (blé-pois, haricot-maïs), les interactions plante-pathogènes (maïs-foreurs de tige, pommier-puceron) ou plante-rhizosphère (maïs).

Biologie prédictive – Intégrer différents niveaux, génomiques, cellulaires, développementaux, pour caractériser les performances des variétés dans différents systèmes de culture.

L'étude des relations génotype-phénotype et l'intégration des phénotypes moléculaires (omics) vise à prédire la vigueur hybride et les interactions génotype-environnement. Nos atouts sont nos infrastructures dédiées au traitement de très gros jeux de données omics (informatique et bioinformatique).

Nouvelles méthodes de sélection – Assurer le déploiement de la sélection participative et de la sélection génomique en amélioration des plantes.

Les travaux consistent à développer de nouvelles méthodes pour l'idéotypage, la sélection, la mobilisation des ressources génétiques. Ils concernent aussi le développement de méthodes de prédiction des performances variétales en mélange intra ou inter-spécifiques.

Collaborations

Au-delà des nombreuses collaborations académiques nationales et internationales, nos principaux partenaires de la société civile sont Promaïs, le Réseau Semences Paysannes, Arvalis et plus localement l'association Terre & Cité.

Enseignement

Les chercheur-e-s et les 12 enseignant-e-s-chercheur-e-s de l'UMR sont fortement impliqué-e-s dans l'enseignement, à l'Université Paris-Saclay essentiellement (AgroParisTech et Faculté des Sciences), avec des responsabilités dans le master BIP (Biologie Intégrative et Physiologie) et la Licence Double-diplôme « Mathématiques et Biologie ». Elles et ils développent des programmes d'enseignement aux niveaux Licence, Master et en cursus ingénieur, en génétique des populations, génétique quantitative, biologie intégrative, biomathématiques (environ 2 500 heures d'enseignement/an).



Centre
Île-de-France - Versailles-Grignon