

AgroLD : une base de connaissances pour l'étude du phénomène des plantes cultivées

Pierre Larmande^{*,**,****}, Gildas Tagny Ngompe^{**,***} Manuel Ruiz^{**,***}

*UMR DIADE, IRD, Univ. Montpellier, 911 av Agropolis, 34398 Montpellier, France

**FADO LIRMM, CNRS, Univ. Montpellier, 161 rue Ada Montpellier, France

pierre.larmande@ird.fr,

***UMR AGAP, CIRAD,INRAE, Univ. Montpellier,

Avenue Agropolis, 34398 Montpellier Cedex 5 Montpellier, France

manuel.ruiz@cirad.fr, gildas.tagny_ngompe@cirad.fr

****SOUTH GREEN BIOINFORMATICS PLATFORM, Avenue Agropolis

34398 Montpellier, France

Résumé. Les nouveaux défis de la recherche en agronomie consistent à comprendre les relations existant entre les différents éléments moléculaires responsables de l'expression du phénomène. Or ces interactions sont complexes à identifier car elles s'expriment à différentes échelles moléculaires dans la plante et subissent de fortes influences de la part des facteurs environnementaux. Les récents progrès des technologies à haut débit ne permettent de capturer que partiellement cette dynamique. Nous avons développé AgroLD, une base de connaissances qui exploite la technologie du Web sémantique et des ontologies du domaine biologique pertinentes, pour intégrer ces informations et faciliter ainsi la formulation de nouvelles hypothèses scientifiques. Nous présentons des résultats sur le processus d'intégration et sur la plateforme visualisation des données, qui était initialement axé sur la génomique, la protéomique et le phénomène.

1 Introduction

La compréhension des interactions génotype-phénotype est un des axes les plus importants de la recherche en agronomie dont l'un des objectifs est d'accélérer la reproduction des caractères importants pour la production agricole. Or ces interactions sont complexes à identifier car elles s'expriment à différentes échelles moléculaires dans la plante et subissent de fortes influences de la part des facteurs environnementaux. Les technologies d'analyse haut-débit ne permettent de capturer que partiellement cette dynamique. Même si ces technologies sont de plus en plus performantes dans l'acquisition de données, notre connaissance du système reste encore parcellaire pour pouvoir comprendre les relations complexes existant entre les différents éléments moléculaires responsables de l'expression du phénomène -ensemble des phénotypes observés pour un individu. Cet objectif ne peut être atteint qu'en intégrant des informations de différents niveaux dans un modèle intégrateur utilisant une approche systémique afin de comprendre le fonctionnement réel d'un système biologique. Aujourd'hui, le