



# Retour d'expérience sur Django, MongoDB : Application Web ThaliaDB

**Journée Intégration  
Visualisation de données**

26 septembre 2018

Delphine Steinbach, UMR GQE-Le Moulon



<http://moulon.inra.fr/index.php/fr/equipestransversales/atelier-de-bioinformatiqueetinformatique>

UMR Génétique quantitative et Evolution – Le Moulon

Ferme du Moulon

Plateau de Saclay

Gif sur Yvette

**Génétique Quantitative et Évolution Le Moulon**

Accueil > Equipes transversales > Atelier de Bioinformatique et d'Informatique

recherches ...

Accueil Plan d'accès Mentions légales Annuaire Connexion Intranet

**Présentation**  
**Equipes**  
Equipes transversales  
Atelier Cartographie Expression Polymorphisme  
**Atelier de Bioinformatique et d'Informatique**  
CATI  
Publications

Installation expérimentale  
Plateforme de Protéomique  
Production scientifique  
Ressources tout public  
Contacter l'administrateur

Responsable de publication : Olivier Martin  
Responsable éditoriale : Rozenn Le Guyader  
Administrateur de l'infoservice : Thierry Balliau

Atelier de Bioinformatique et Informatique (ABI)

Les activités d'ABI portent sur :

- l'analyse de la séquence des génomes
- le développement de logiciels et bases de données pour la génétique
- l'informatique système et réseau.

Harry, Johann, Olivier M, Mélanie, Adrien, Delphine, Pierre, Benoit, Yannick, Olivier

Septembre 2018

L'atelier de Bioinformatique et Informatique de GQE-Le Moulon se compose de 3 groupes placés sous la responsabilité hiérarchique d'Olivier Martin :

ABI-AnaSeq Resp. : J. Joets	ABI-SOFT Resp. : D. Steinbach	ABI-SYS Resp. : O. Langella
Harry BELCRAM, AI INRA (50 % ACEP) Johann JOETS, IR INRA (50 % DyGAP)	Yannick de OLIVEIRA, IE INRA Pierre MONTALENT, IE INRA Mélanie POLART-DONAT, IE INRA, CDD Delphine STEINBACH, IR INRA	Adrien FALCE, AI INRA, CDD Benoît JOHANNET, AI INRA Olivier LANGELLA, IR INRA (90% PAPPSSO)

ABI est rattaché au LabEx BASC, Biodiversité, Agroécosystèmes, Société, Climat.

Copyright © 2018. Tous droits réservés.  
Joomla! est un logiciel libre sous licence GNU/GPL.

Depuis 2016

# Objectifs : ABI-SOFT

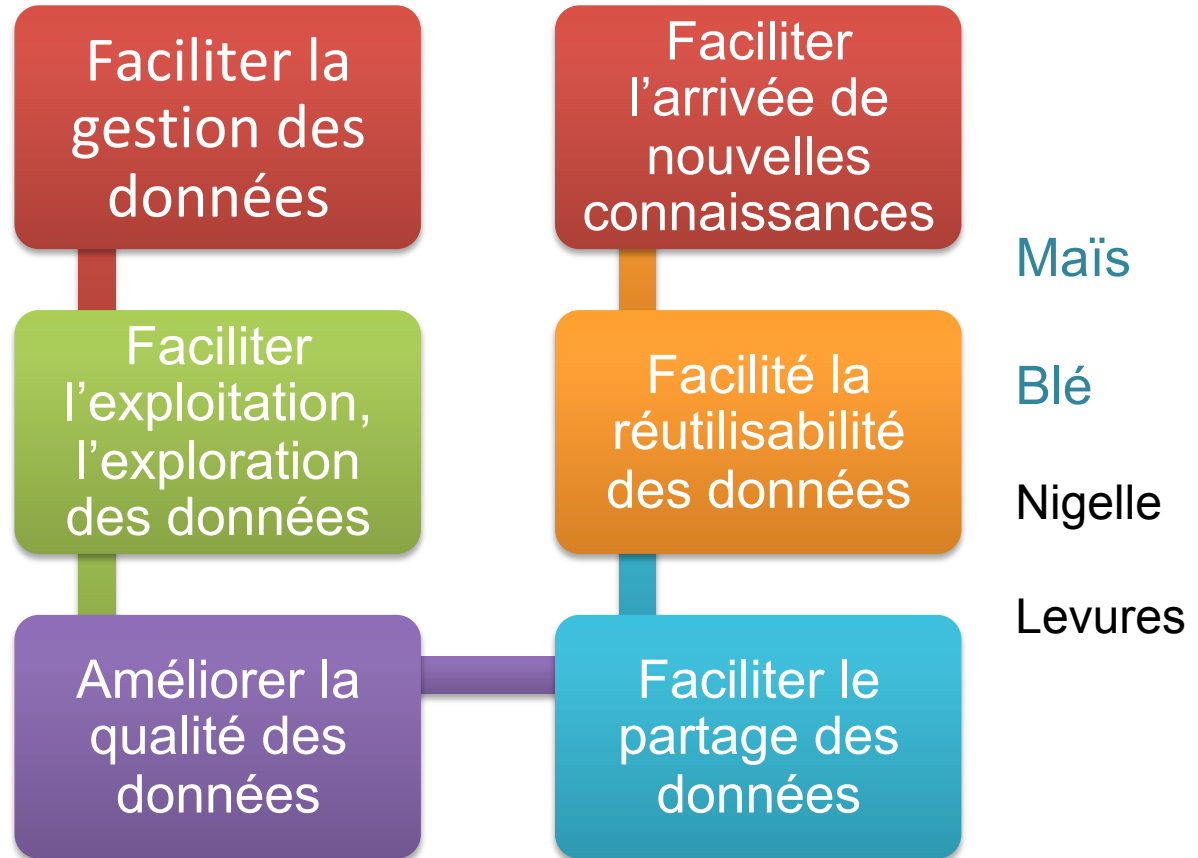
## Environnement logiciel pour la Recherche, dédié **Génétique, Sélection, Multi-espèces**

**F**indable

**A**ccessible

**I**nteroperable

**R**eusable



*Mission : application aux thématiques de recherche de l'UMR, du département BAP. Enjeux INRA2025, Climat, OpenScience*

# ABI-SOFT : Tools

<http://moulon.inra.fr/index.php/fr/equipes/abi/336>

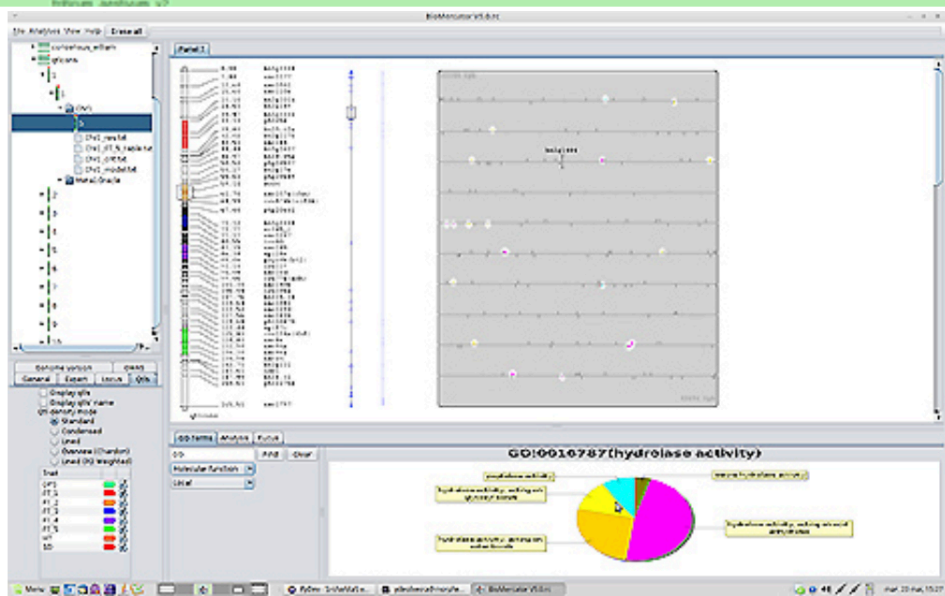
The screenshot shows the Galaxy web interface. On the left is a 'Tools' sidebar with categories like 'Get Data', 'Text Manipulation', 'Filter and Sort', 'Join, Subtract and Group', 'Convert Formats', 'Fetch Sequences', 'Statistics', 'Graph/Display Data', 'Blast', 'Emboss suite', 'NGS, QC and manipulation', 'Clonify multiple sequence alignment program for DNA or proteins', 'Picard tools', 'snk2', 'bedtools', 'FASTA manipulation', and 'Workflows'. The main area displays a workflow titled '02/03/2017 Nouveautés 2017' with a list of tools including Star, Bedtools, Picard tools, and Genome Analysis Toolkit (GATK). A 'History' sidebar on the right shows a list of previous workflow runs with details like 'Copy of "Unnamed history"', 'Shared by', and file sizes.

**GALAXY**  
**P. Montalent**

**BiomeRCator  
V5  
2018-2019**

- Méta-QTLs
- GWAS
- Méta-GWAS

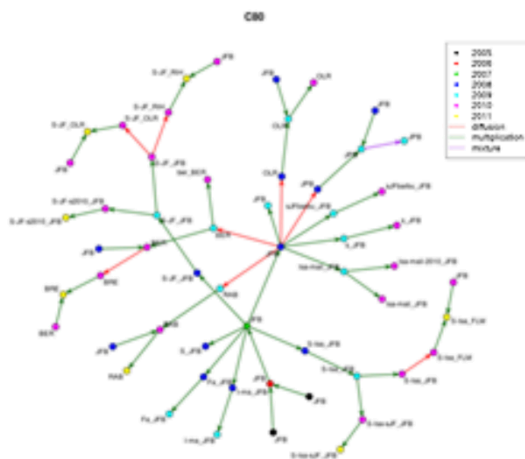
**JAVA**  
**Y. De-Oliveira**



**PhenoFieldValidator  
2017**

**Trial : Quality control  
Measures, Traits  
Rules  
Soil, Weather  
CSV**

**ETL : Job Talend TOS**  
**D. Steinbach**



**SHiNeMaS (Seeds History Management and Network System):** relationships between seeds distributed in a network of farms and their field phenotypic evaluation results in several environments (climate, soil)

Participative science, agroecology and biological agriculture.  
**Collab. DEAP-RSP**

**Y. De-Oliveira**

**LandScapeDb : Wheat Diversity data in landscapes**

V1 : data France

V2: data Europe

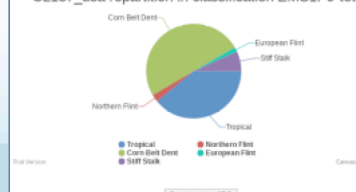
**Collab. DEAP-H2020 RustWatch**

**ThaliaDB**

A Database for Association Studies

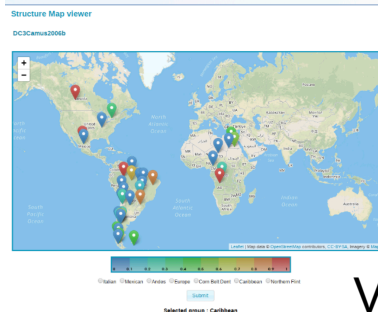
HOME DATAVIEW ADMIN USER PROFILE

CL187\_usa repartition in classification ZMS1P9-tot



ThaliaDB is a database for association studies developed by the [ABI-SOFT team](#) of [GQE-Le Moulon](#) in collaboration with the [GQMS team](#), under the project [Amaizing](#).

Diversity and association genetics studies lead to manipulate a large number of individual, lines, clones and/or populations. Moreover, emergence of high-throughput technologies for both genotyping and phenotyping generates a large amount of data. These data need to be stored and managed in order to make requests and to organize datasets to perform genetic diversity data exploration and association genetics analysis. The new version of ThaliaDB, V3.1, is developed for scientists to facilitate their data management and analysis. The rces data, seed lots, samples, genotyping and elaborated phenotyping datasets. It is well adapted for data AS methods. It can manage high-throughput results coming from different projects and experiments and tions to explore these data and to give access to them for reuse. This Web tool offers to users a Select (Data lata administration and loading) mode. Data confidentiality is maintained using user accounts and specific data. It enables data extraction in CSV format. A version exists today in our lab with maize data produced it's GQMS team and theirs partners. Perspectives are to test this new version for tomato, wheat and poplar. improvement with funding of Amaizing. Investment for the future, project. It is developed in Python under inder PostGreSQL and MongoDB databases. Contact: [delphine.steinbach@inra.fr](mailto:delphine.steinbach@inra.fr) for more information and



issoumou, <sup>1</sup>Yannick De Oliveira, <sup>1</sup>Lan-Anh Nguyen, <sup>1</sup>Olivier Akmansoy, <sup>1</sup>Delphine Madur, <sup>1</sup>Cyril Bauland, <sup>1</sup>Stéphane Nicolas, <sup>1</sup>Laurence Moreau, <sup>1</sup>Alain Charcosset and <sup>1,2</sup>Delphine Steinbach  
<sup>1</sup>left lab, <sup>2</sup>corresponding author

génétique Quantitative et Evolution – Le Moulon, ferme du Moulon F-91190 Gif-sur-Yvette, France

**ThaliaDB :**

V3 : High throughput Genotyping,  
Phenotyping

Genetic resources, SeedLots

**D. Steinbach**

D. Steinbach, ABI-SOFT – 26 sept. 2018

**V3.4**

# ABI-SOFT : Web Tools - Databases



Python



PostgreSQL



Eclipse

1 Serveur SGBD,  
1 Serveur d'applications  
LINUX

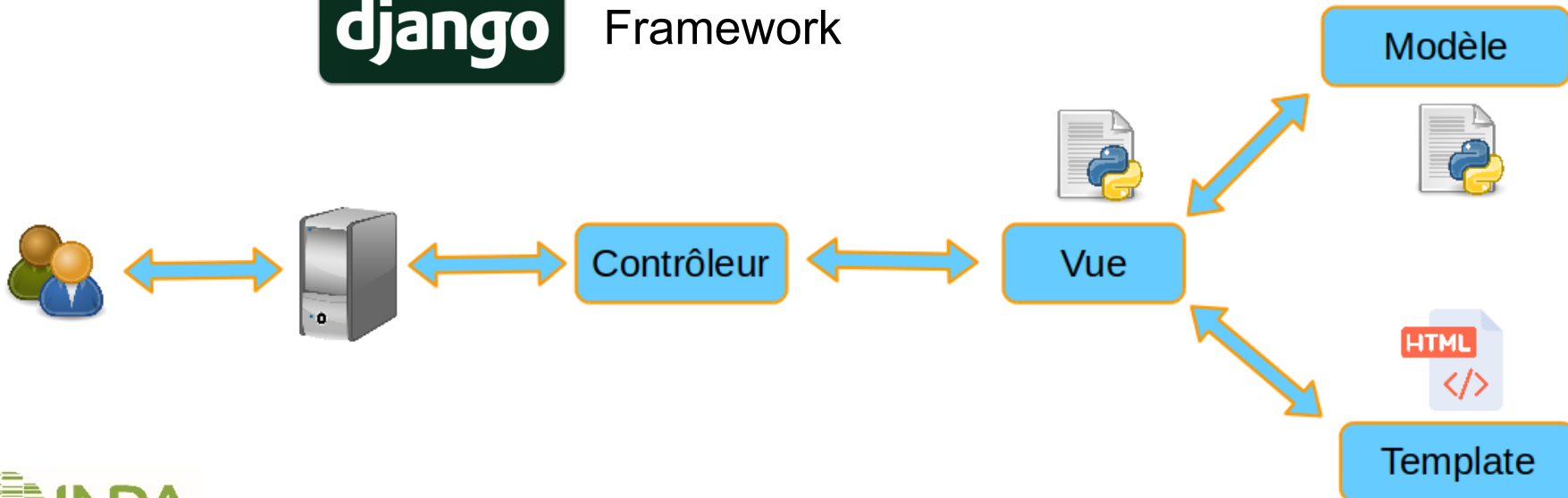
**Méthode Agile**

**SourceSup**: Forge

**SharePoint** : ABI-SOFT

Mockflow

**django** Framework



# ThaliaDB : DATA

Gestion de données de plantes et de descripteurs de plantes, d'évaluation de ces plantes dans différents environnements : Genotype X Environnement

- Lignées, hybrides, collections, populations, panels, de données de structuration de groupes de plantes,
- Échelle locale : parcelle, régionale, pays, continent

Gestion de données de Géotypage à haut débit de plantes : multiples expérimentations, multi collaborateurs, multi projets

Gestion de données de mesures de caractéristiques sur des plantes au champ

Gestion de données Images : images de plantes, d'essais

Gestion de confidentialité des données, partiel, totale, gestion des accès : sécurité

# ThaliaDB : Besoins en 2015

## Existant : ThaliaDB V2 (JAVA)

- Design graphique obsolète
- Requêtes à éviter
- *Bugs et pas que mineurs..., mais connus*
- Ne permettait pas l'ajout de nouveaux jeux de données nouvelles technologies haut débit : génotypages (mais)
- *Complicquée à maintenir, à faire évoluer sur le long terme, manque de RH spécialisé en JAVA.*
  - *Fonctionnement avec stagiaires, CDD*

## Remise à plat

- Du projet
- De l'organisation : RH, Hardware, Software
- Etude des besoins d'une V3 : feuille de route
  - Nouveaux développements
  - Nouvelles insertions de données par les biologistes



# ThaliaDB : Besoins

Accessible, sécurisé depuis l'extérieur : <https://thalia.moulon.inra.fr>

- Gestion fine des accès, des comptes utilisateurs, de droits d'accès à différents jeux de données (hiérarchie)

Administration des données par les biologistes en autonomie

Developpement : Evolutivité, Transférable

- à d'autres équipes
- unités du département BAP, EFPA
- tiers, collaborateurs
- Autres espèces de plantes (ex: blé, tomate, pois, colza, pommier, rosier, peuplier, chêne)

Documentation

- Guide d'installation, Guide d'utilisation
- Forge : SourceSup

# ThaliaDB et le BigData

## Intégration, visualisation, exploration : multiples jeux de données, multi projets

- Diverses sources
- Structurés, moins structurés
- Différents délais d'arrivées
- Différents protocoles d'analyse en amont de la base et en aval

## Requêtes sur des objets d'intérêt scientifiques

- **Formulaires d'administration des données** : ins/upd/del
- **Formulaires de requêtes multi-critères** (Select)
- **Outils de filtrage** : différents niveaux **d'agrégation**
- **Outils d'export de données** : différents formats de sortie : standarts, pour des entrées de logiciels (workflow)
- **Outils graphiques (dynamique) de visualisation des données**

# ThaliaDB : Besoins

## Partage, Export, Inter-opérabilité

- Entrepôts de PF (GnPLS)
- Nationaux: Data.inra.fr, européen
- International : MaizeGDB, ...

## Types de données

- Brutes : \* priorité \*
- Elaborées:
  - analysées (calculs, moyennes, imputations...) : différentes méthodes

## Cas d'utilisation : maïs

- 20 ans de données du laboratoire : équipe GQMS, A. Charcosset
- ses projets en partenariat
  - Ex : PIA Amaizing
  - Ex: projet européen DROPS
    - Cibles : sécheresse, froid, Azote

## Exemple : jeux de données

- Génotypage de la puce 50 000 marqueurs
  - 17 expériences => 17 matrices
- Génotypage de la puce : 600 000 marqueurs : 3 expériences
- Génotypage par séquençage : 900 000 marqueurs
- Nouvelles données de phénotypage au champs
  - Réseau d'essais au champ : 8 sites, 5 panels de plus de 300 plantes de n projets

## Croisement de jeux de données de génotypage et de phénotypage

- Valeur ajoutée

## Apporter des données pour prédire : valeur ajoutée, nouvelles données

- Construire des expérimentations de sélection génomique
  - Prédiction de phénotypage à partir de génotypage et de phénotypage
- Fournir des données à des modèles d'éco-physiologie
  - Prédiction comportements de plantes dans différents environnements
- Fournir des données pour des modèles statistiques: deep learning, ...

## Architecture

- **Python : 3.5.3, panda**
- **Framework Django : harmonisation (applications de l'équipe) : 1.10** (passage en 2.0 prévu) : jsonfield, mongoengine, autocomplete
- **Apache : 2.2**
- **SGBDR : PostGreSQL : 9.6.7**
  - Utilisation de PG JSON pour certains champs
- **NoSQL : veille**
  - **MongoDb** : BD orientée Documents : **3.2.19, free, openSource**, <https://www.mongodb.com/what-is-mongodb>
  - **Analyse comparative entre ElasticSearch (moteur de recherche) et MongoDB** faite dans CATI CGI entre GnplS et BD Cirad : données de génotypage
    - Résultats quasi-similaires, dépendantes des requêtes et des besoins des applicatifs Web
    - Participation aux MongoDB Days, Paris
  - **Décision : tester mongoDB pour ThaliaDB**
    - Hypothèse *maîtrisable* dans notre contexte local, faible RH, % ETP non permanents élevé
    - **ThaliaDB : BD Hybride : PostGreSQL et MongoDB**

# Framework Django :

## <https://www.djangoproject.com/>



Django makes it easier to build better Web apps more quickly and with less code.

[Get started with Django](#)

## Meet Django

Django is a high-level Python Web framework that encourages rapid development and clean, pragmatic design. Built by experienced developers, it takes care of much of the hassle of Web development, so you can focus on writing your app without needing to reinvent the wheel. It's free and open

D. Steinbach, ABI-SOFT – 26 sept. 2018

[Download latest release: 2.1.1](#)

[DJANGO DOCUMENTATION >](#)

[Support Django!](#)

# Framework Django :

## Tutoriel + Tutoriel sur OpenClassrooms

← → ↻ <https://docs.djangoproject.com/en/2.1/> ☆ 👤 ↕

### First steps

Are you new to Django or to programming? This is the place to start!

- **From scratch:** [Overview](#) | [Installation](#)
- **Tutorial:** [Part 1: Requests and responses](#) | [Part 2: Models and the admin site](#) | [Part 3: Views and templates](#) | [Part 4: Forms and generic views](#) | [Part 5: Testing](#) | [Part 6: Static files](#) | [Part 7: Customizing the admin site](#)
- **Advanced Tutorials:** [How to write reusable apps](#) | [Writing your first patch for Django](#)

### The model layer

Django provides an abstraction layer (the “models”) for structuring and manipulating the data of your Web application. Learn more about it below:

- **Models:** [Introduction to models](#) | [Field types](#) | [Indexes](#) | [Meta options](#) | [Model class](#)
- **QuerySets:** [Making queries](#) | [QuerySet method reference](#) | [Lookup expressions](#)
- **Model instances:** [Instance methods](#) | [Accessing related objects](#)
- **Migrations:** [Introduction to Migrations](#) | [Operations reference](#) | [SchemaEditor](#) | [Writing migrations](#)
- **Advanced:** [Managers](#) | [Raw SQL](#) | [Transactions](#) | [Aggregation](#) | [Search](#) | [Custom fields](#) | [Multiple databases](#) | [Custom lookups](#) | [Query Expressions](#) | [Conditional Expressions](#) | [Database Functions](#)
- **Other:** [Supported databases](#) | [Legacy databases](#) | [Providing initial data](#) | [Optimize database access](#) | [PostgreSQL specific features](#)

### The view layer

#### You are here:

- [Django 2.1 documentation](#)
  - [Django documentation](#)

#### Getting help

##### FAQ

Try the FAQ – it’s got answers to many common questions.

##### [Index, Module Index, or Table of Contents](#)

Handy when looking for specific information.

##### [django-users mailing list](#)

Search for information in the archives of the django-users mailing list, or post a question.

##### [#django IRC channel](#)

Ask a question in the #django IRC channel, or search the IRC logs to see if it’s been asked before.

Language: **en**

##### [Ticket tracker](#)

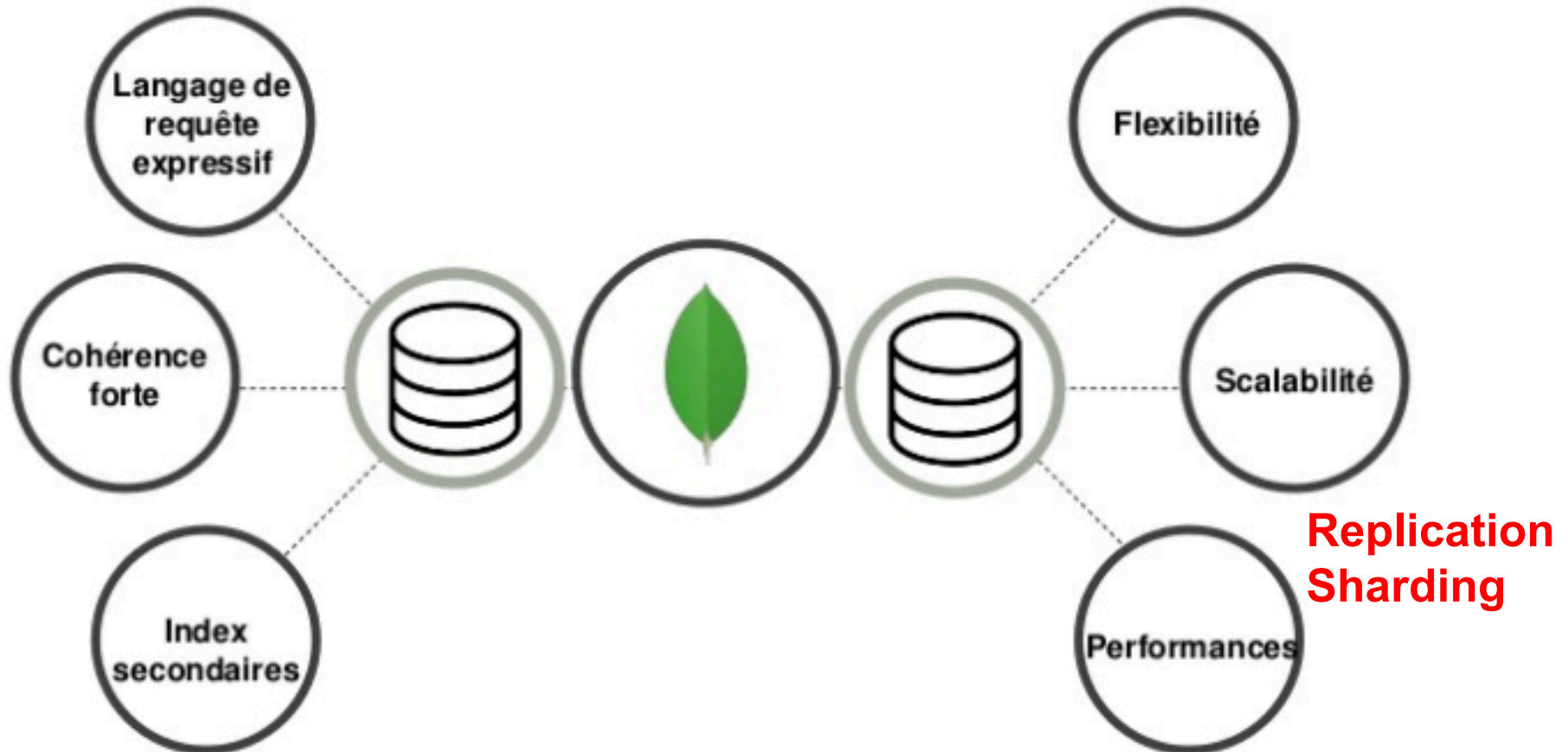
Report bugs with Django c  
documentation in our ticket tracker.

Documentation version: **2.1**

# NoSQL - SGBDR

Base de données relationnelle

NoSQL



Base de données relationnelle + NoSQL





# MONGODB :

## <https://www.mongodb.com/what-is-mongodb> : clients

← → ↻ <https://www.mongodb.com/what-is-mongodb> ☆ 👤 ⬆

DOCS LEARN WHAT'S MONGODB? BLOG LOGIN



Get MongoDB



FOR GIANT IDEAS

Trusted by thousands of teams

SOLUTIONS

CLOUD

CUSTOMERS

RESOURCES

ABOUT US



amadeus

amazon.com

BOSCH

AstraZeneca



comcast

eHarmony

experian.  
health

KPMG

MetLife



SAP

sp

ebay

vmware

Royal Bank  
of Scotland



Mongo-Bot

Thanks for visiting! We're away right now but if you have a question about our Enterprise products, feel free to leave a message and we'll get back to you soon!

Type your message...



# MONGODB : Documentations

← → ↻ 🔒 https://docs.mongodb.com/?\_ga=2.92647956.845964873.1538025228-1825171843.1538025228

mongoDB | Documentation ▾ 🔍 Search Documentation


**Overview:**

- Getting Started
- Guides
- ▼ MongoDB Products**
  - MongoDB Server
  - MongoDB Stitch
  - MongoDB Drivers
  - ▼ Cloud
    - MongoDB Atlas
    - MongoDB Cloud Manager
    - MongoDB Ops Manager
  - ▼ Tools
    - MongoDB BI Connector
    - MongoDB Charts
    - MongoDB Compass
    - MongoDB Spark Connector

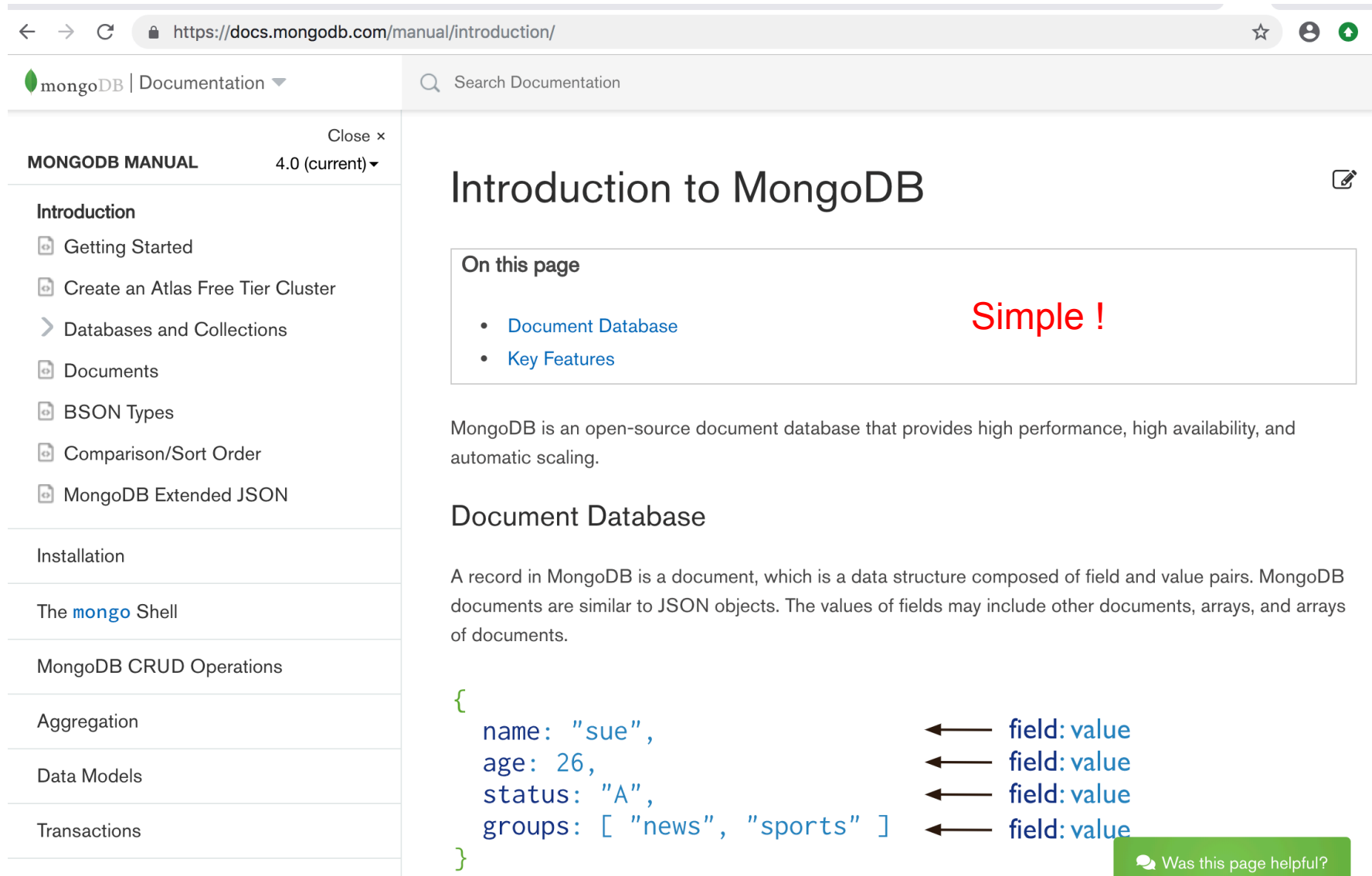
Questions? Contact Us

## Welcome to the MongoDB Docs

- Getting Started**  
Connect and use MongoDB with your favorite programming language within minutes.
- MongoDB Manual**  
The MongoDB Manual, including: CRUD, aggregation, database commands, mongo shell methods, and other common operations in MongoDB.
- </> Cloud Products**  
MongoDB offers a variety of cloud



# MONGODB : Database = Collection



The screenshot shows the MongoDB documentation page for the 'Introduction to MongoDB' section. The browser address bar shows the URL <https://docs.mongodb.com/manual/introduction/>. The page title is 'Introduction to MongoDB'. A sidebar on the left lists various topics, with 'Introduction' selected. The main content area features a 'Simple !' callout, a list of links for 'Document Database' and 'Key Features', and a paragraph explaining that MongoDB is an open-source document database. Below this, the 'Document Database' section is introduced, followed by a JSON document example with arrows pointing to each field and its value.

Introduction to MongoDB

On this page

- [Document Database](#)
- [Key Features](#)

Simple !

MongoDB is an open-source document database that provides high performance, high availability, and automatic scaling.

## Document Database

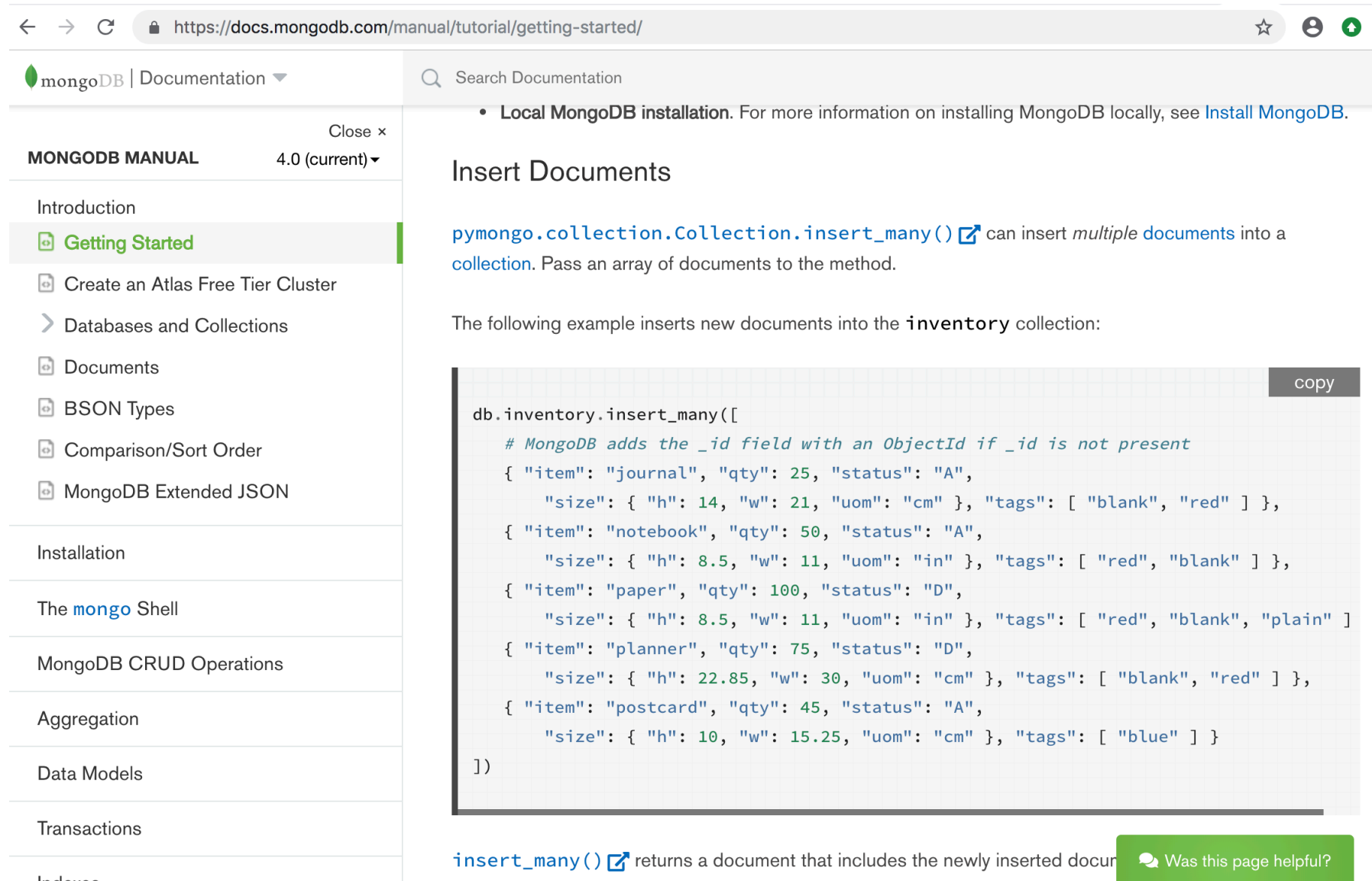
A record in MongoDB is a document, which is a data structure composed of field and value pairs. MongoDB documents are similar to JSON objects. The values of fields may include other documents, arrays, and arrays of documents.

```
{  
  name: "sue",  
  age: 26,  
  status: "A",  
  groups: [ "news", "sports" ]  
}
```

← field: value  
← field: value  
← field: value  
← field: value

Was this page helpful?

# MONGODB : Insert Documents : JSON



<https://docs.mongodb.com/manual/tutorial/getting-started/>

mongoDB | Documentation

Search Documentation

- Local MongoDB installation. For more information on installing MongoDB locally, see [Install MongoDB](#).

## Insert Documents

[pymongo.collection.Collection.insert\\_many\(\)](#) can insert *multiple documents* into a *collection*. Pass an array of documents to the method.

The following example inserts new documents into the `inventory` collection:

```

db.inventory.insert_many([
  # MongoDB adds the _id field with an ObjectId if _id is not present
  { "item": "journal", "qty": 25, "status": "A",
    "size": { "h": 14, "w": 21, "uom": "cm" }, "tags": [ "blank", "red" ] },
  { "item": "notebook", "qty": 50, "status": "A",
    "size": { "h": 8.5, "w": 11, "uom": "in" }, "tags": [ "red", "blank" ] },
  { "item": "paper", "qty": 100, "status": "D",
    "size": { "h": 8.5, "w": 11, "uom": "in" }, "tags": [ "red", "blank", "plain" ] },
  { "item": "planner", "qty": 75, "status": "D",
    "size": { "h": 22.85, "w": 30, "uom": "cm" }, "tags": [ "blank", "red" ] },
  { "item": "postcard", "qty": 45, "status": "A",
    "size": { "h": 10, "w": 15.25, "uom": "cm" }, "tags": [ "blue" ] }
])
  
```

[insert\\_many\(\)](#) returns a document that includes the newly inserted documents.

Was this page helpful?

# ThaliaDB et MongoDB

## Résultats

- Création d'un schéma pour la gestion du génotypage compatible avec les autres données sous MongoDB :
  - +- imbrication
- Test de requêtes en connection directe sur MongoDB
  - Jusque 5 millions de marqueurs
- Test de requêtes via framework Django
- Serveur de développement
- Serveur de production
- PC local
- Achat d'un disque dédié sur le serveur pour MongoDB : 1 To
- Test d'insertion de données à haut débit : 50k, 600K, 1Million
- Outils d'admin, monitoring (gratuits)

## Résultats

- **Conservation de PostgreSQL** pour garder cohérence sur objets phares
- **Ajout de MongoDB** :
  - pour gestion du génotypage à haut débit
  - = modèle HYBRIDE !
  - Outil de supervision : Munin
- **Passage en production depuis automne 2017**
  - Avec migration des données de la V2 !
  - Ouverture de comptes pour les administrateurs de données (biologistes)
  - **Nouvelles données haut débit arrivées ! : 15 Go génotypage**
    - **35 expériences**
      - sur puce 50 000 marqueurs
      - sur puce 600 000
    - GBS : 1 million de marqueurs : *en cours en production*
  - **6000 plantes, 30 projets, 80 comptes utilisateurs, 32 environnements de phénotypage, 104 traits mesurés**

## Les +

- **V3 marche !**
- **Bugs résiduels ‘connus’ en cours de correction, Ajout de tests dans le code**
- **Evolutif** : ajout de jeux de données de petite et de grande taille
- **Flexible, Agile**
- **Haute disponibilité**
- **Volumétrie**
- **Schéma dynamique : imbrication de niveaux !**
- **Performances élevées** : encore plus hors framework
- **Apprentissage assez facile**, pas trop de difficulté par rapport à un modèle relationnel
- **Outils: Mongoimport, Mongodump**
- **Potentialité de requêtes** à l’avenir encore plus enrichies, geospatial, de texte, agrégation,
- **Mode Hybride : Relationnel – NoSQL** : combine les avantages
- **Pas encore besoin de réplication**, pas de demande *payante* à MongoDB à ce stade
- **Formation MongoDB** : utile pour agréger documentation et me remettre dans le bain ‘admin’
- **MongoDb Days** : utile : retours d’expériences des privés et des gros utilisateurs
- **Communauté Mongo** : Conseils, offre de formation, version Enterprise !

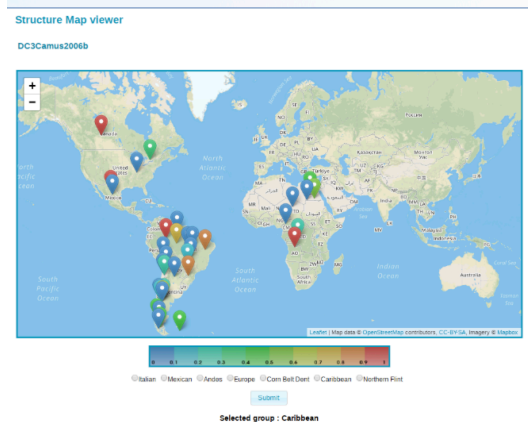
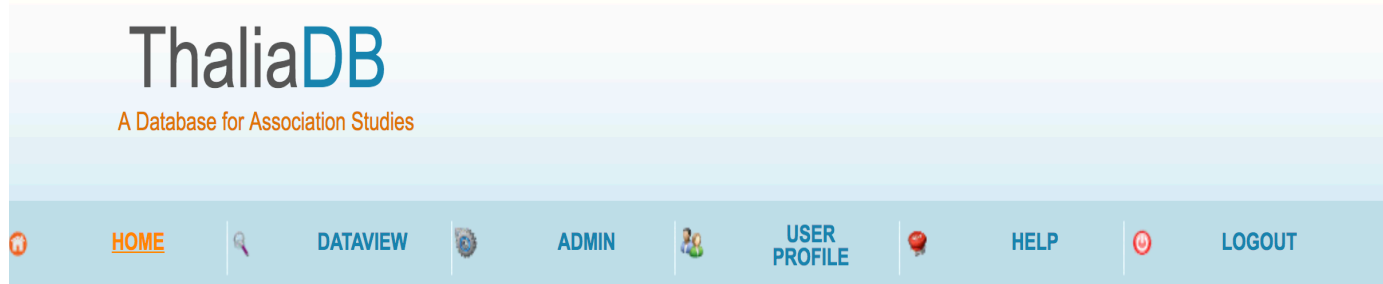
## Les -

- **La mémoire a saturé une fois !** (mémoire était partagée avec d'autres appli)
  - Lié à applicatif ? à Mongo ?
- **Outil de supervision mis en place** : Graphique : Accès mémoire, disques, réseaux
- **Amélioration du code des requêtes** : optimisation, pb non reproduit à ce jour mais pas de perte de données.
  - **Préconisation : serveur dédié**
- **Un time out coté Web** pour l'insertion via l'appli de la méga matrice....
  - Changement d'un paramètre sur Django
- **Moins rapide via framework** (= effet framework)
- **Coût de la formation MongoDB mais valait le coup pour synthétiser tout en peu de jours..., et prévoir en cas de besoin de scalabilité et d'architecture plus complexe**
- **Offre Mongo** : Conseils, offre de formation (payante), version Enterprise (payante) pour avoir les outils adaptés à **une production de très haute dispo.**
- Scalabilité ne serait pas 100% mais pas testé.
- **Le 'En cours' : étude de la gestion des mises à jour des documents MongoDB, Optimisation**



**ANNEXES** : extraits d'une présentation : <https://www.slideshare.net/mongodb/quand-utiliser-mongodb-et-quand-vous-en-passer>



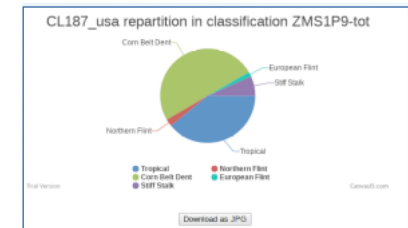


ThaliaDB is a database for association studies developed by the [ABI-SOFT team](#) of [GQE-Le Moulon](#) in collaboration with the [GQMS team](#), under the project [Amaizing](#).

Diversity and association genetics studies lead to manipulate a large number of individual, lines, clones and/or populations. Moreover, emergence of high-throughput technologies for both genotyping and phenotyping generates a large amount of data. These data need to be stored and managed in order to make requests and to organize datasets to perform genetic diversity data exploration and association genetics analysis. The new version of ThaliaDB, V3.1, is developed for scientists to facilitate their data management and analysis. The database holds genetic resources data, seed lots, samples, genotyping and elaborated phenotyping datasets. It is well adapted for data that are useful to apply GWAS methods. It can manage high-throughput results coming from different projects and experiments and propose several views and options to explore these data and to give access to them for reuse. This Web tool offers to users a Select (Data view) mode and an Admin (Data administration and loading) mode. Data confidentiality is maintained using user accounts and specific levels of rights can be set on data. It enables data extraction in CSV format. A version exists today in our lab with maize data produced from projects of A. Charcosset's GQMS team and theirs partners. Perspectives are to test this new version for tomato, wheat and poplar. The software is currently in improvement with funding of Amaizing, Investment for the future, project. It is developed in Python under Framework Django, running under PostGreSQL and MongoDB databases. Contact: [delphine.steinbach@inra.fr](mailto:delphine.steinbach@inra.fr) for more information and collaboration.

<sup>1</sup>Alice Beaugrand, <sup>1</sup>Guy-Ross Assoumou, <sup>1</sup>Yannick De Oliveira, <sup>1</sup>Lan-Anh Nguyen, <sup>1</sup>Olivier Akmansoy, <sup>1</sup>Delphine Madur, <sup>1</sup>Cyril Bauland, <sup>1</sup>Stéphane Nicolas, <sup>1</sup>Laurence Moreau, <sup>1</sup>Alain Charcosset and <sup>1,2</sup>Delphine Steinbach  
<sup>1</sup>left lab, <sup>2</sup>corresponding author

<sup>1</sup>Génétique Quantitative et Evolution – Le Moulon F-91190 Gif-sur-Yvette, France



Dépôt projet CATI 3G :  
**PlantBreed**  
20 bioinformaticiens, BAP

**Merci pour votre attention**  
**Questions ?**