

Cartographie d'irradiation chez la poule : cartographie dense de SNP et localisation d'EST absentes de la séquence génomique (ChickRH)

Responsable Scientifique du Projet : Mr VIGNAL Alain
Alain.Vignal@toulouse.inra.fr

UR 444 Laboratoire de Génétique Cellulaire (LGC)
INRA-Chemin de Borde Rouge
BP 52 627
31326 CASTANET TOLOSAN Cedex

Mots clés : Chicken - Radiation hybrid mapping – Genome sequence – EST - SNP

Résumé

La séquence du génome de la poule a été publiée en décembre 2004. Cette première ébauche est de bonne qualité globale, grâce aux faibles taux de séquences répétées génome et aux améliorations des algorithmes d'assemblage. Cependant, 10 parmi les plus petits microchromosomes sont absents de l'assemblage, principalement par manque d'identification par un clone de BAC ; l'assemblage des gonosomes GGAZ et GGAW ont besoin d'améliorations importantes et nous avons montré par des cartes RH déjà réalisées pour la moitié des chromosomes, que des améliorations de l'assemblage peuvent être réalisées. Finalement, 3% des contigs d'EST ou de mRNA n'ont pas de séquence correspondante. Pour aider à résoudre ces problèmes, nous proposons ici d'améliorer nos cartes RH en utilisant deux méthodes complémentaires:

1) Un nombre élevé de marqueurs SNP (10 000) sera génotypé en utilisant la technique Illumina au CNG (Centre National de Génotypage). Ceci fournira des groupes de liaison à haute densité de marqueurs pour tous les chromosomes présents dans la séquence. En choisissant un grand nombre de marqueurs dans les 120 Mb de séquence non assignée à un chromosome (chrn), nous comptons aider à assembler des régions mal couvertes, spécifiquement les microchromosomes absents.

2) Des marqueurs de contigs d'EST de poule qui n'ont pas de séquence correspondante dans l'assemblage du génome, seront génotypés par la méthode conventionnelle, avec analyse en gel d'agarose. Ceci permettra de cartographier ces séquences, qui ne peuvent pas être localisées aisément par une autre approche. De plus, un nombre important de marqueurs seront ainsi ajoutés aux microchromosomes, qui sont particulièrement riches en gènes.

Les données sur les cartes seront présentées sur notre serveur web ChickRH (<http://chickrh.toulouse.inra.fr/>).

Partenaires du projet

Equipe 1 (Equipe du Responsable Scientifique du projet) :
UR 444 Laboratoire de Génétique Cellulaire (LGC), INRA, CASTANET TOLOSAN Cedex
Responsable scientifique : Mr VIGNAL Alain

Equipe 2 :
Consortium National de Recherche en Génomique - Centre National de Génotypage (CNRG-CNG), EVRY
Responsable scientifique : Mr GUT Ivo