

Titre du projet (*maximum 2 lignes*) :

Séquençage d'étiquettes (EST) de bovins, porcins, poulet et truite à partir de banques d'ADNc à faible niveau de redondance

Résumé du projet

(contextes socio-économique et scientifique, objectifs, programme des travaux, organisation en tâches) :

Le projet a pour but d'accélérer le développement des outils d'analyse expressionnelle et la cartographie des gènes chez les 4 espèces phares du programme AGENAE : bovins, porc, poulet et truite. Il consiste, en s'appuyant sur des banques d'ADNc multi tissus normalisées, en un séquençage systématique de l'extrémité des clones d'ADNc. En effet, aussi bien les travaux d'analyse expressionnelle (analyse en parallèle de l'expression de milliers de gènes par hybridation de réseaux d'ADNc) que la cartographie des gènes rendent nécessaire la connaissance des séquences exprimées dans ces espèces. A la suite de la validation des banques multi tissus normalisées, une première tranche (2001-2002), a concerné l'obtention de 90 000 séquences pour l'ensemble des 4 espèces.

La présente demande concerne la seconde tranche du programme, visant à acquérir rapidement 10 000 à 60 000 séquences supplémentaires (selon l'espèce) par un séquençage raisonné pour éviter la redondance avec les séquences déjà disponibles. En effet, un nombre important de données de séquence (étiquettes ou « EST ») est aujourd'hui accessible dans les bases de données publiques. Le séquençage raisonné que nous allons mettre en œuvre s'appuie sur la possibilité de soustraire de la banque à séquencer les clones correspondant aux séquences déjà obtenues. Ce procédé, analogue à celui utilisé pour la normalisation des banques, a déjà été mis en œuvre avec succès pour la poule et la truite.

La stratégie est donc de soustraire soit les clones « AGENAE » déjà séquencés, soit les banques construites par d'autres équipes et disponibles au centre de ressources du programme. Selon les espèces, une ou deux soustractions seront réalisées suivies chacune du séquençage des banques soustraites à hauteur de 10 000 à 30 000 clones. Ce travail est conduit en parallèle par les 4 équipes de l'INRA qui ont construit les banques normalisées et sont en charge de chacune des espèces. Ce travail s'appuie également sur le centre de ressources de Jouy en Josas pour la gestion des collections et sur l'équipe « SIGENAE » en charge des moyens informatiques utilisés pour la gestion et l'analyse des données de séquence.

Les séquences obtenues seront publiées et déposées dans la base de données publique EMBL ; elles seront également regroupées avec l'ensemble des données déjà disponibles pour permettre i) la construction des réseaux d'ADNc «pan génomiques» utilisés pour les analyses d'expression, ii) la localisation des gènes en utilisant les panels d'hybrides irradiés existant (bovin, porc, poule) ou en développement (truite).

Champ thématique (*selon la classification de l'Appel à Projets*) :

1.1 Génomique, identification et caractérisation des gènes exprimés.

Projet : générique ;

Responsable scientifique (*nom prénom*)

HATEY François

Fonction et organisme (intitulé, sigle, Adresse)

DR INRA, Laboratoire de Génétique Cellulaire, BP 27 31326 Castanet-Tolosan Cedex

Tél. : 05 61 28 51 13

Fax : 05 61 28 53 08

Mel: hatey@toulouse.inra.fr

Liste des partenaires publics :

Nom des laboratoires (intitulé, sigle, nom du Directeur, nom du responsable)	Affiliations : EPST, Université...	Ville
Porteur : Génétique Cellulaire, LGC, Philippe Mulsant, François HATEY	INRA	Castanet-Tolosan
Partenaire 1 :Génomique et physiologie de la lactation, GPL, Michèle Ollivier-Bousquet , Patrice MARTIN	INRA	Jouy en Josas
Partenaire 2 :Génétique Animale, Madeleine Douaire, Madeleine DOUAIRE	INRA-ENSAR	Rennes
Partenaire 3 : Ichtyophysiologie, biodiversité et environnement, SCRIBE, Pierre-Yves Le Bail , Yann GUIGEN	INRA	Rennes
Partenaire 4 : Radiobiologie et Etude du Génome, LREG, Gérard Frelat, Patrick CHARDON	INRA-CEA	Jouy en Josas

Liste des partenaires privés :

Nom des Entreprises, nom du responsable	Ville

Durée du projet : 12 mois