

Annotating, Representing and Comparing Animal Genomes (ArcAnGe)

Responsable Scientifique du Projet : Mr FARAULT Thomas
Thomas.Faraut@toulouse.inra.fr

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

Mots clés : Génomique comparative, bioinformatique, navigateur de génomes, SNP.

Résumé

Quelques années seulement après la publication de la première séquence complète du génome humain, c'est au tour de la communauté scientifique en génétique animale d'accéder à l'ère des génomes entièrement séquencés. Si l'intérêt pour la santé humaine a le plus souvent été l'argument biologique invoqué pour justifier le séquençage complet d'organismes supplémentaires, notamment en réponse au NIH (National Institute of Health of the USA), principal contributeur de ces projets, il ne fait aucun doute que la disponibilité de séquences génomiques complètes révolutionne les pratiques en génétique animale. Mais pour véritablement récolter tous les fruits du séquençage de génomes complets, la communauté scientifique internationale doit aujourd'hui développer de nouvelles méthodologies et de nouveaux outils.

Les scientifiques français sont certes associés aux consortiums pour le séquençage des génomes bovin, du porc, du poulet et probablement celui du saumon, l'accès aux données risque pourtant de ne pas être immédiat. La collaboration n'est de plus pas toujours évidente avec des scientifiques en charge du séquençage ou de l'annotation aux Etats-Unis ou au Royaume-Uni où ces tâches sont le plus souvent réalisées. Des assemblages incomplets chez le poulet ou chez le bovin ou encore des erreurs chez le rat sont des illustrations récentes qui démontrent l'urgence qu'il y a à développer des méthodes et des outils spécialement dédiés à l'exploitation des séquences génomiques complètes ou partielles. Plus fondamentalement, le véritable enjeu est peut-être de développer un savoir-faire et des compétences pour l'exploitation des séquences génomiques afin d'être capable d'appuyer la communauté (scientifique) française en génétique animale dans le contexte actuel d'une concurrence internationale intense.

Le projet proposé vise à relever le défi du développement de méthodes originales pour l'analyse comparée des génomes et de leur mise en œuvre à travers des outils informatiques efficaces, jusqu'à des logiciels interfacés disponibles en ligne, permettant ainsi un accès aussi exhaustif que possible à l'information génomique. Plus précisément les tâches suivantes seront réalisées au cours du projet :

- (i) Développer un outil d'alignement de séquences génomiques et application à la comparaison des génomes animaux entièrement séquencés ;
- (ii) Développer, au sein de l'outil existant Narcisse, une représentation intégrée de la conservation des génomes ;
- (iii) Démarrer un projet pilote d'annotation du génome bovin ;
- (iv) Développer un outil de visualisation de d'interrogation de données de polymorphismes.



Partenaires du projet

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

Equipe 2 :
UMR 2594 Laboratoire des Interactions Plantes Micro-organismes (LIPM), INRA, CASTANET TOLOSAN
Responsable scientifique : Mr GOUZY Jérôme

Equipe 3 :
UR 875 Laboratoire de Mathématiques et Informatique Appliquées (MIA), INRA, CASTANET TOLOSAN
Responsable scientifique : Mr SCHIEX Thomas

Equipe 4 :
UR 339 Laboratoire de Génétique biochimique et de cytogénétique (LGBC), INRA, JOUY-EN-JOSAS
Responsable scientifique : Mr EGGEN André



INRA

Programme dont la gestion et l'animation sont confiées à l'INRA