

Master bio-informatique: « Evolution des Génomes de Plantes et d'Animaux ».

Laboratoire

Salse Jerome (DR-Hrd)

UMR1095-INRA-UBP Génétique Diversité & Ecophysiologie des Céréales (GDEC)

Equipe 'Paléogénomique des Plantes pour l'Amélioration Variétale'

234 avenue du Brézet

63100 Clermont-Ferrand Tel : (33) 04.73.62.43.80

Fax : (33) 04.73.62.44.53

Mob : (33) 06.77.14.00.10

Web: <http://www4.clermont.inra.fr/umr1095/ppav>

Sujet de recherche

Compte tenu de l'impact socio-économique des végétaux et des animaux et l'explosion récente de la capacité de séquençage dans le monde entier, il est essentiel de développer des outils pour gérer ce qui va devenir une énorme quantité d'informations provenant des génomes séquencés. Les travaux de l'équipe visent à développer des outils pour comparer les génomes afin de mieux comprendre les processus évolutifs des génomes de plantes et d'animaux depuis leurs ancêtres communs en termes d'organisation (gènes et séquences répétées) et de régulation (transcriptome, méthylome).

La paléogénomique, étude de la structure et de la fonction des génomes ancêtres des espèces vivantes à l'heure actuelle, permet l'identification et la caractérisation des mécanismes (duplications, translocations, inversions...) qui ont façonné le génome des espèces au cours de leur évolution. Chez les vertébrés, nos travaux de paléogénomique par la comparaison de plus de 10 génomes (homme, souris, chien, cheval, opossum...) ont permis d'établir un modèle évolutif sur 130 millions d'années à partir d'un ancêtre fondateur constitué de 13 protochromosomes. Contrairement aux mammifères, la paléogénomique est encore peu étudiée chez les plantes et plus précisément chez les Angiospermes qui ont subi un grand nombre de duplications segmentaires voire globales de leur génome (polyploïdisation) ainsi que des réarrangements locaux (inversion, conversion de gènes), rendant difficiles les travaux expertisés de génomique comparée au sein des plantes.

Le développement d'outils de bioinformatique, statistique, mathématique combinatoire au sein de l'équipe d'accueil nous a permis de réaliser l'identification expertisée et indépendante des relations de synténie et de duplication au sein de 11 génomes de plantes (peuplier, papaye, vigne, riz, maïs, sorgho...) et d'envisager la caractérisation d'événements de duplications ancestrales, par essence communs aux génomes étudiés, mais aussi les événements spécifiques de chacun de ceux-ci. L'intégration des duplications et des relations de synténie offre pour la première fois la possible caractérisation de 7 paléoduplications présentes au sein des 11 génomes de plantes étudiés. Nous avons pu ainsi modéliser les ancêtres fondateurs disparus ainsi que le schéma évolutif des espèces modernes. Ainsi, les monocots seraient issues d'un ancêtre à 5 protochromosomes porteurs de 9138 protogènes et les dicots d'un ancêtre de 7 protochromosomes et porteurs de 9574 protogènes.

L'objectif de ce stage est de retracer l'histoire évolutive commune aux plantes (angiospermes) et aux vertébrés (animaux) en se focalisant sur certaines familles de gènes d'intérêt. Sur la base des travaux de l'équipe, le stagiaire devra assimiler les concepts ainsi que les différents outils et méthodes utilisés par l'équipe afin de centraliser toutes les connaissances nécessaires à ce travail de génomique évolutive comparée. Le développement de programmes sera également indispensable pour répondre aux objectifs.

Ce programme scientifique sera réalisé sur la base des génomes séquencés disponibles dans nos bases de données internes ainsi que les génomes qui seront séquencés dans les années futures. Enfin, ce programme scientifique a été labellisé par le pôle de compétitivité Auvergne 'Céréales Vallée' ainsi que par le pôle de compétitivité Midi-Pyrénées 'AGRIMIP', et s'inscrit dans un programme ANR blanc 'PAGE' 2011-2014.

Références équipe

1. Salse J, Bolot S, Throude M, Jouffe V, Piegu B, Masood U, Calcagno T, Cooke R, Delseny M, Feuillet C (2008) Identification and characterization of shared duplications between rice and wheat provide new insight into grass genome evolution. **PLANT CELL**. 20(1):11-24.

2. Quraishi UM, Abrouk M, Bolot S, Pont C , Throude M, Guilhot N, Confolent C, Bortolini F, Praud S, Murigneux M, Charmet G, **Salse J** (2009) Genomics in cereals: From genome-wide conserved orthologous set (COS) sequences to candidate genes for trait dissection. **FUNCTIONAL & INTEGRATIVE GENOMICS**. 9(4):473-84.
3. **Salse J**, Abrouk M, Murat F, Quraishi UM, Feuillet C (2009) Improved standards and new comparative genomics tools provide new insights into grasses paleogenomics. **BRIEFINGS IN BIOINF**. 10(6):619-30
4. Bolot S, Abrouk M, Masood-Quraishi U, Stein N, Messing J, Feuillet C, **Salse J** (2009) The 'inner circle' of the cereal genomes. **CURRENT OPINION IN PLANT BIOLOGY**. 12(2):119-25.
5. **Salse J**, Abrouk M, Bolot S, Guilhot N, Courcelle E, Faraut T, Waugh R, Close TJ, Messing J, Feuillet C (2009) Reconstruction of monocotyledonous proto-chromosomes reveals faster evolution in plants than in animals. **PNAS USA**. 106:14908-14913.
6. Throude M, Bolot S, Bosio M, Pont C, Sarda X, Masood Quraishi U, Bourgis F, Lessard P, Rogowsky P, Ghesquiere A, Murigneux A, Charmet G, Perez P, **Salse J** (2009) Structure and Expression Analysis of Rice Paleo-Duplications. **NUCLEIC ACIDS RES**. 37(4):1248-59.
7. Abrouk M, Murat F, Pont C, Messing J, Jackson S, Faraut T, Tannier E, Plomion C, Cooke R, Feuillet C, **Salse J** (2010) Paleogenomics of Plants: Modern Species Synteny-Based Modelling of Extinct Ancestors. **TRENDS IN PLANT SCIENCE**. 15(9):479-87.
8. Murat F, Xu JH, Tannier E, Abrouk M, Guilhot N, Pont C, Messing J, **Salse J** (2010) Ancestral Grass Karyotype Reconstruction Unravels New Mechanisms of Genome Shuffling as a Source of Plant Evolution. **GENOME RESEARCH**. 20(11):1545-1557.
9. Argout X*, **Salse J***, Aury JM*, et al. (2010) The genome of *Theobroma cacao*. **NAT GENET**. 43(2):101-8.
*Joint fist authors.
10. Quraishi UM, Abrouk M, Murat F, Pont C, Foucrier S, Desmaizieres G, Confolent C, Rivière N, Charmet G, Paux E, Murigneux A, Guerreiro L, Lafarge S, Le Gouis J, Feuillet C and **Salse J** (2010) Cross-Genome Map Based Dissection of a Nitrogen Use Efficiency Ortho-metaQTL in Bread Wheat Unravels Concerted Cereal Genome Evolution. **PLANT JOURNAL**. 65(5):745-56