



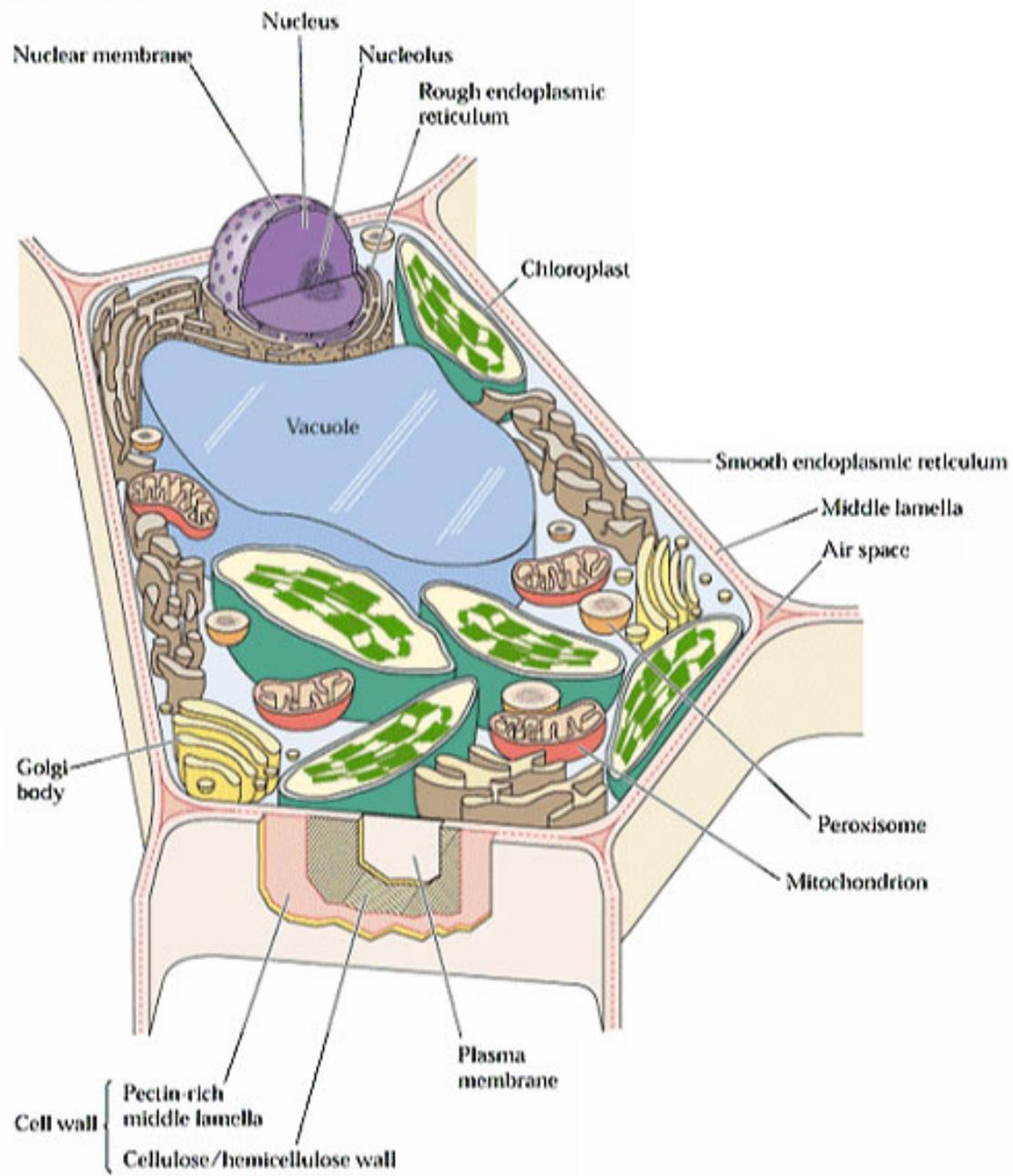
## Atelier 7: nouveaux outils et équipements

# Nouveaux outils et équipements en Génomique, protéomique transcriptomique, métabolomique (Stratégies -omiques)

Philippe Vandenkoornhuyse

Philippe Normand

(A) Mesophyll



ADN



ARNs



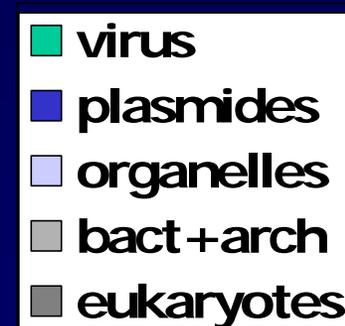
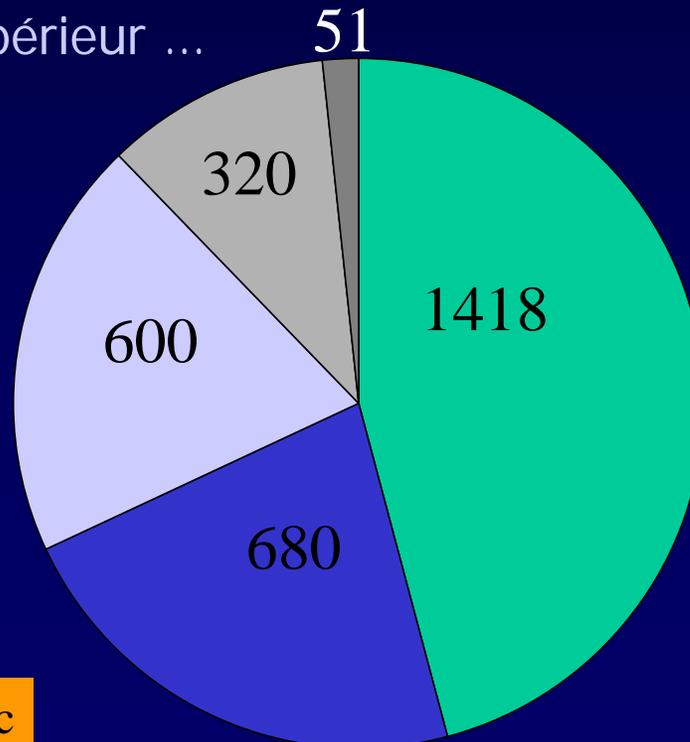
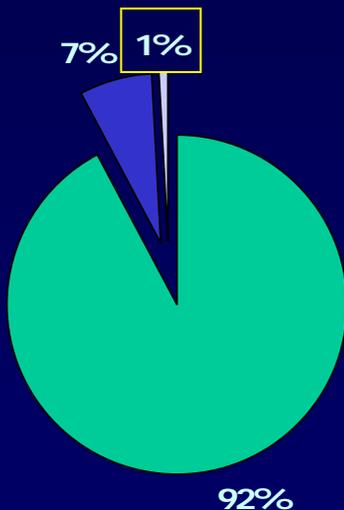
Protéines  
(enzymes)



Métabolites

# Génomique = révolution scientifique

- Génomique = séquençage de génomes entiers
  - Petit historique
    - Phage (Sanger et al., 1977)
    - Bactérie (Fleischmann et al., 1995)
    - Organisme supérieur ... 51



# Génomique et écologie

- Outil pour comprendre...
  - Phénomènes évolutifs et d'adaptation
  - Les systèmes complexes
    - Couplage processus
    - Fonctionnement d'écosystèmes

(Béjà et al., *Nature* (2001); Allen et al., *Nature* (2004) etc...)

  - Des ouvertures pluridisciplinaires évidentes
    - Statistique, traitement des données, formalisations (outils d'analyse), conceptualisation (pouvant dépasser largement le domaine du vivant), modélisation.
- un problème... le cout !

# Génomique: la seconde révolution

- Vers la démocratisation de l'analyse des génomes entiers
  - Service (2006) The race for the \$1000 genome  
*Science* 311, 1544-1546
  - Comment ?
    - Nouvel appareil mis sur le marché depuis 1 an génome bactérien entier, taille moyenne = 4-5000 € pour 1 personne en 1 semaine ! Le plus long, l'analyse des données...
    - Nouvel équipement= nouvelles perspectives

# Nouvelles perspectives offertes

- **Séquençage**
  - d'espèces non modèle non anthropiquement centrée
  - du génome d'un écosystème (analyse métagénomique) pour prédire/comprendre à partir des gènes le fonctionnement des génomes & écosystème, les processus (p.ex Ram et al., *Nature* 2005)
  - des ARNs permettant de comprendre l'expression des génomes dans un écosystèmes, dialogues, fonctions écologiques, processus (p ex Poretsky et al., *Appl Env Microbiol* 2006)
- **GC-MS (MALDI-TOF) et identité des protéines : compréhension des protéomes ou métaprotéomes (entité fonctionnelle)**
- **Conséquences de variables de forçage (physique chimique ou biologique) et modélisation**
- **Compréhension de phénomènes d'adaptation aux stress (processus), analyses de populations, écologie fonctionnelle**

# Voie ouverte depuis 1,5 an et publications

- Pyroséquençage: 42 articles publiés répartition:
  - snRNA (fonctionnement cellulaire) 11 articles  
([Henderson et al., \*Nature Genetics\*, 2006](#); [Girard et al., \*Nature\*, 2006](#); [Axtell et al., \*Cell\*, 2007](#); [Berezikov et al., \*Nature Genetics\*, 2006](#); [Pak & Fire, \*Science\*, 2007](#); [Lau et al., \*Science\*, 2006](#); [Lu et al., \*Genome Research\*, 2006](#); [Qi et al., \*Nature\*, 2006](#); [Ruby et al., \*Cell\*, 2006](#); [Rajagopalan et al., \*Genes & Dev\*, 2006](#); [Burnside et al., \*J of Virology\*, 2006](#))
  - Génome entier (séquençage) 7 articles  
([Andries et al., \*Science\*, 2005](#); [Velicer et al., \*PNAS\*, 2006](#); [Hofreuter et al., \*Inf\*, 2006](#); [Goldberg et al., \*PNAS\*, 2006](#); [Oh et al., \*PNAS\*, 2006](#); [Pinard et al., \*BMC Genomics\*, 2006](#); [Moore et al., \*BMC Plant Biology\*, 2006](#))
  - BACs sur génome polyploïde  
([Wicker et al., \*BMC Genomics\*, 2006](#))

# Voie ouverte depuis 1,5 an et publications

- Pyroséquençage: 42 articles publiés répartition (suite):
  - transcriptome (fonctionnement de génome(s) dans un écosystème par séquençage directe) 6 articles  
(Ng *et al.*, *Nucleic Acids Research*, 2006; Gowda *et al.*, *Nucleic Acids Research*, 2006; Bainbridge *et al.*, *BMC Genomics*, 2006; Nielsen *et al.*, *Nucleic Acids Research*, 2006; Cheung *et al.*, *BMC Genomics*, 2006; Emrich *et al.*, *Genome Research*, 2006)
  - Génomique des populations (diversité infraspecifique)  
(Thomas *et al.*, *Nature Medicine*, 2006)
  - Metagénome & diversité microbienne (écologie) 6 articles  
(Edwards *et al.*, *BMC Genomics*, 2006; Sogin *et al.*, *PNAS*, 2006; Krause *et al.*, *Bioinformatics*, 2006; Leininger *et al.*, *Nature*, 2006; Angly *et al.*, *PLoS Biology*, 2006; Turnbaugh *et al.*, *Nature*, 2006)
  - Metagénome & ADN ancien (écologie) 5 articles  
(Poinar *et al.*, *Science*, 2006; Gilbert *et al.*, *Nucleic Acids Research*, 2006; Stiller *et al.*, *PNAS*, 2006; Green *et al.*, *Nature*, 2006; Nooman *et al.*, *Science*, 2006)

# Recommandations

- Investissement dans un **équipement de séquençage de nouvelle génération** (séquenceur de masse ou pyroséquenceur) et/ou rapprochement du génoscope d'Evry
- Investissement raisonné
- **identification d'au moins 2 plateformes**
  - génomique et transcriptomique environnementale
  - protéomique environnementale

# Recommandations

- plateformes avec un **soutien au niveau national**
  - recrutement d'un personnel technique
- **Adossement à un ou des appels d'offres pluriannuels existant ou à créer**
  - EC2CO par exemple
  - GIS ou GDR 'génomique environnementale'

déclinant des questions en génomique, transcriptomique, protéomique environnementale offrant des crédits par appels à proposition récurrent

# Recommandations

- **Accompagner cette seconde révolution** de la génomique pour une appropriation de l'outil par les écologues et chercheurs dans les domaines SIC & EDD
  - recrutement de chercheurs dans les unités
    - Attention au verrou 'bioinformatique'
  - favoriser les recrutements dans un espace pluridisciplinaire
    - Pour envisager, par exemple, la modélisation



Evènement scientifique international & réflexions menées depuis 2ans...  
Conférences Jacques Monod 'Génomique environnementale: du génome individuel aux génomes de communautés complexes d'organismes'  
Roscoff, 9-13 Juin 2007 (deadline 1er mars mais encore quelque places)

## Comité de réflexion

Théodore Bouchez (CEMAGREF Antony) ; Françoise Bringel (CNRS, Université de Strasbourg I) Ivan Couée (CNRS, Université de Rennes I), Francis Martin (INRA station de Nancy-Champenoux) ; Frédéric Partensky (CNRS, Station Biologique de Roscoff) ; Lionel Ranjard (INRA Dijon) ; Pierre Taberlet (CNRS, Université de Grenoble) ; Stéphane Vuilleumier (CNRS, Université de Strasbourg I) ; Pierre Alain Maron (INRA Dijon)