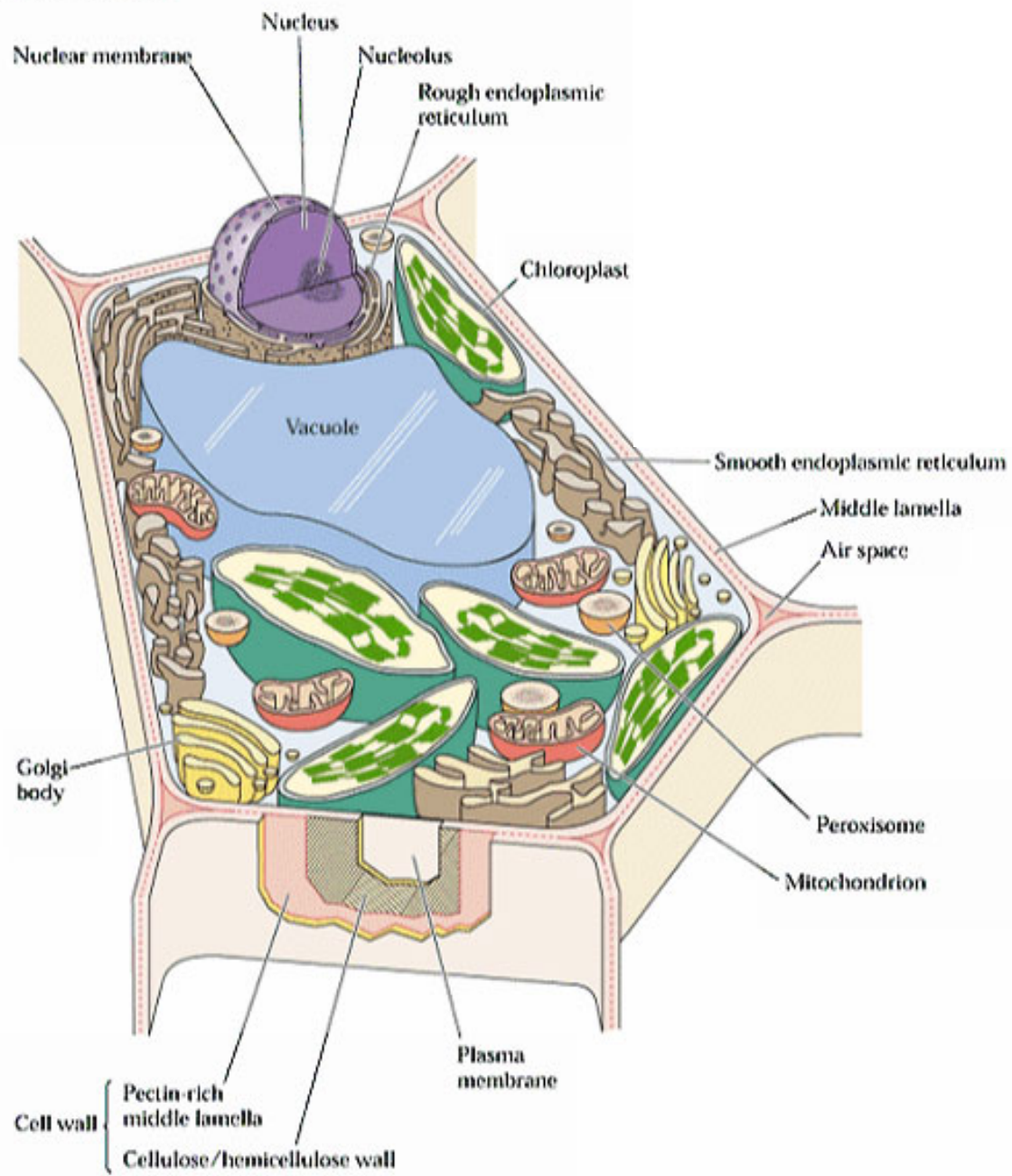


Atelier 7: nouveaux outils et équipements

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

Philippe Vandenkoornhuyse
Philippe Normand

(A) Mesophyll



ADN



ARNs



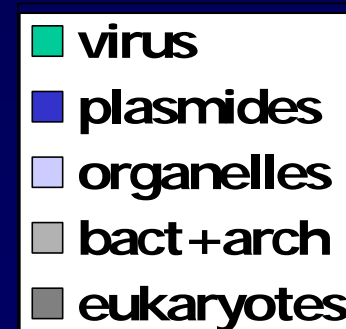
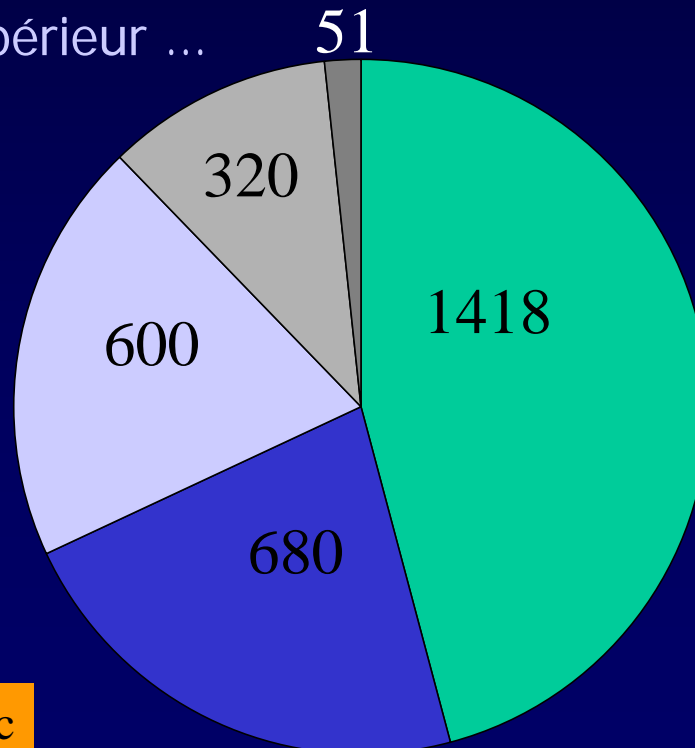
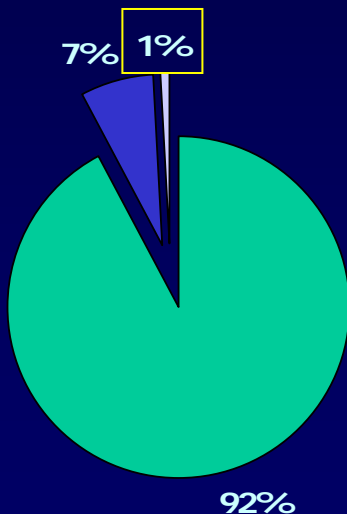
Protéines
(enzymes)



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)