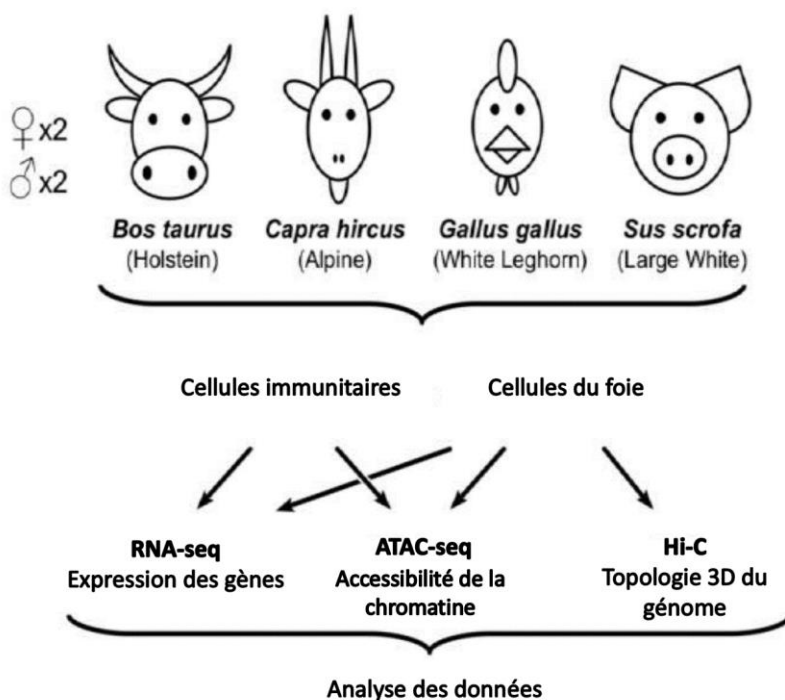


L'annotation des génomes animaux domestiques *made in France*

Annoter le génome d'une espèce d'intérêt, c'est établir le rôle des différents éléments de celui-ci. Cette cartographie fonctionnelle permet ensuite de mieux comprendre les liens entre les gènes et les phénotypes¹. Des chercheurs d'INRAE ont lancé le projet pilote français FR-AgENCODE afin d'enrichir l'annotation du génome de quatre espèces animales d'élevage (vache, poule, chèvre et porc). Les résultats de ce travail, parus le 30 décembre 2019 dans *BMC Biology*, permettent d'améliorer la connaissance du fonctionnement des génomes de ces espèces, et contribuent aux objectifs de l'initiative internationale FAANG (« Functional Annotation of Animal Genomes »)².

L'ère du séquençage a permis d'avoir accès à la séquence génomique de plusieurs espèces végétales et animales. Ces séquences fournissent d'importantes quantités d'information qu'il faut pouvoir déchiffrer pour leur donner du sens, à l'image d'un livre dont il faudrait parler la langue pour le comprendre. Il faut donc « annoter » le génome pour le déchiffrer et découvrir ce qu'il se cache derrière les séquences d'ADN. Une fois le génome annoté, au moins en partie, il est plus aisé de comprendre les liens entre les gènes et les caractères d'un animal. L'initiative FAANG (Functional Annotation of Animal Genomes), lancée en 2015, est un projet international qui a pour objectif la création de cartes de génomes annotées pour plusieurs espèces d'animaux domestiques. Au cœur de cette initiative, INRAE a lancé le projet pilote français FR-AgENCODE dans le but d'améliorer l'annotation du génome de quatre espèces (vache, poule, chèvre et porc).



Au début du projet, l'annotation de référence répertoriait de 27 000 à 53 000 gènes selon l'espèce. Grâce aux expériences réalisées, les chercheurs ont pu détecter et annoter entre 58 000 et 85 000 gènes, doublant ainsi le nombre de gènes connus. Entre 75 000 à 149 000 régions potentiellement impliquées dans la régulation de l'expression de ces gènes (et donc, possiblement, dans la variation des caractères qui en dépendent) ont également été détectées, la plupart dans des zones encore non-caractérisées du génome.

Les scientifiques ont analysé les différents états de l'ADN – niveau de compaction, repliement et

organisation 3D - permettant ou non l'expression des gènes. La combinaison de ces informations sur des cartes d'annotation fonctionnelle permet de déterminer quelles régions de chaque génome sont actives, avec quelle temporalité, dans quel contexte, dans quelles cellules et quels tissus ; elles contribuent ainsi à la biologie prédictive.

Les données d'annotation seront utilisées à la fois pour mieux comprendre le fonctionnement des génomes animaux, mais aussi pour améliorer la précision et la robustesse de la sélection génomique. Ce projet représente donc un point d'étape crucial pour étudier le lien entre les variants génétiques présents sur la séquence d'un génome et les phénotypes à l'échelle moléculaire, cellulaire, et *in fine*, à l'échelle de l'individu.

Légende de l'illustration : Schéma montrant la démarche expérimentale suivie pour les travaux de ce papier. @Sylvain Foissac

¹ Ensemble des traits de caractères visibles qui découlent de l'expression des gènes. Par exemple, la couleur « bleue » des yeux est le phénotype du gène « couleur des yeux ».

²Le consortium international FAANG (« Functional Annotation of Animal Genomes ») réunit de nombreuses équipes de recherches mondiales pour annoter le génome de différents animaux. INRAE est co-coordonateur du consortium, et est un contributeur majeur, avec plusieurs équipes impliquées. (<https://www.faaang.org/contributors>).

Référence :

Foissac, S., Djebali, S., Munyard, K. *et al.* *Multi-species annotation of transcriptome and chromatin structure in domesticated animals*. BMC Biol 17, 108 (2019) doi:10.1186/s12915-019-0726-5

Contacts scientifiques :

Sylvain Foissac : sylvain.foissac@inrae.fr - 05 61 28 55 40

Unité Génétique Physiologie et Systèmes d'Elevage
Département scientifique Génétique Animale
Centre INRAE Occitanie-Toulouse

Elisabetta Giuffra : elisabetta.giuffra@inrae.fr - 01 34 65 26 48

Unité Génétique Animale et Biologie Intégrative
Département scientifique Génétique Animale
Centre INRAE Ile-de-France-Jouy-en-Josas

Contact presse :

Service de presse INRAE : 01 42 75 91 86 – presse@inrae.fr

Sandra Fuentes (Responsable communication INRAE Occitanie-Toulouse) : 05 61 28 55 77 - sandra.fuentes@inrae.fr

INRAE, l'Institut national de recherche pour l'agriculture, l'alimentation et l'environnement, est un acteur majeur de la recherche et de l'innovation créé le 1er janvier 2020. Institut de recherche finalisé issu de la fusion entre l'Inra et Irstea, INRAE rassemble une communauté de 12 000 personnes, avec un peu plus de 200 unités de recherche et une quarantaine d'unités expérimentales implantées dans 18 centres sur toute la France. L'institut se positionne parmi les tout premiers leaders mondiaux en sciences agricoles et alimentaires, en sciences du végétal et de l'animal, et se classe 11ème mondial en écologie-environnement. INRAE a pour ambition d'être un acteur clé des transitions nécessaires pour répondre aux grands enjeux mondiaux. Face à l'augmentation de la population, au changement climatique, à la raréfaction des ressources et au déclin de la biodiversité, l'institut construit des

solutions pour des agricultures multi-performantes, une alimentation de qualité et une gestion durable des ressources et des écosystèmes.

la science pour la vie, l'humain, la terre

Rejoignez-nous sur :



www.inrae/presse