

GENOTROUT

Séquençage du génome de la truite arc-en-ciel par l'utilisation des nouvelles techniques de séquençage à ultra haut débit.

Résumé

De part son importance majeure pour l'aquaculture et la pêche sportive et récréative, la truite arc-en-ciel *Oncorhynchus mykiss* est très répandue dans le monde. Elle est également l'un des modèles poissons les mieux étudiés dans des disciplines biomédicales aussi diverses que la recherche sur le cancer, la toxicologie, l'immunologie comparée, l'écologie, la physiologie, la nutrition, l'évolution et la biologie du développement. En raison de son intérêt économique et scientifique, de nombreuses ressources génomiques ont été développées chez cette espèce. Néanmoins, le séquençage complet de son génome n'a pas encore été initié. Ceci est dû en particulier à la taille de son génome (environ 80% du génome humain et six fois plus grand que le génome déjà séquencé du poisson Tetraodon) et à sa grande complexité (entre 58 et 64 paires de chromosomes), qui sont la conséquence d'un événement de tétraploïdisation ayant eu lieu il y a 25-100 millions d'années dans la lignée des Salmonidés. Ainsi, les coûts importants de séquençage par la méthode classique de Sanger n'ont pas permis de placer *O. mykiss* au rang d'espèce prioritaire pour l'obtention de la séquence de son génome. Le présent projet, coordonné par des scientifiques affiliés à l'INRA, a pour but d'utiliser les nouvelles technologies de séquençage à haut débit pour produire une première séquence du génome de la truite arc-en-ciel. La séquence elle-même sera générée et annotée par le Centre National de Séquençage (CNS, Genoscope) en utilisant une combinaison de technologies 454-Roche Titanium (couverture de génome de 20x) et de séquençage d'extrémités appariées en Solexa-Illumina (couverture de génome de 50x), en association avec un minimum de séquences déjà obtenues par la méthode Sanger. Le génome séquencé sera celui d'un individu haploïde doublé, ceci facilitant l'assemblage dans le contexte complexe d'un génome partiellement tétraploïde. Cette séquence génomique permettra sans aucun doute de dynamiser l'identification moléculaire des caractères à intérêt économique et de développer l'utilisation de méthodes comme la sélection génomique assistée par marqueurs pour l'amélioration génétique des populations d'élevage. La séquence du génome de la truite sera également d'une grande utilité pour toutes les disciplines biomédicales utilisant cette espèce comme modèle, favorisant l'utilisation d'approches novatrices génétiques, génomiques, transcriptomiques et protéomiques pour l'analyse de multiples questions scientifiques. Particulièrement, comme les Salmonidés occupent une position évolutive clé dans la phylogénie

des poissons, la séquence du génome de la truite contribuera de manière significative à l'analyse de la structure et de l'évolution des génomes de poissons par génomique comparative. Si la séquence du saumon Atlantique devient disponible durant ce projet de 2 ans, sa comparaison avec la truite permettra d'étudier les conséquences de la tétraploïdisation et de la rediploïdisation différentielle sur la biodiversité et la spéciation. Enfin, du point de vue technologique, ce projet permettra de démontrer la faisabilité du séquençage *de novo* de génome large et complexe par les nouvelles méthodes à haut débit. Ce projet bénéficie d'un soutien massif de la communauté scientifique et sera effectué en coordination avec le consortium international public pour l'analyse des génomes de Salmonidés cGRASP (consortium for Genomic Research on All Salmonids Program).

Partenaires

1. INRA SCRIBE, UPR 1037
2. Institut de génomique

Coordinateur

GUIGUEN Yann, Centre INRA de Rennes, UPR 1037 SCRIBE,
yann.guiguen@rennes.inra.fr

Aide de l'ANR

1 200 051 €

Début et durée

Janvier 2010 - 24 mois

Référence

ANR-09-GENM-001

Label pôle