



HAL
open science

Diversité et biologie intégrative : des pistes à explorer pour combler le gap entre diversité génétique et diversité phénotypique

Magali San Cristobal, Simon S. Boitard, Marcel M. Bouffaud, Cécile Canlet, Leonor L. Chaltiel, Claude C. Chevalet, Patrice Dehais, Marine M. Dumont, Maria Inès M. I. Fariello Rico, Hélène Gilbert, et al.

► To cite this version:

Magali San Cristobal, Simon S. Boitard, Marcel M. Bouffaud, Cécile Canlet, Leonor L. Chaltiel, et al.. Diversité et biologie intégrative : des pistes à explorer pour combler le gap entre diversité génétique et diversité phénotypique. COLLOQUE FRB : Les Ressources Génétiques (RG) face aux nouveaux enjeux environnementaux, économiques et sociétaux, Sep 2011, Montpellier, France. <hal-01000087>

HAL Id: hal-01000087

<https://hal.science/hal-01000087v1>

Submitted on 6 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



HAL Authorization

Diversité et Biologie intégrative : des pistes à explorer pour combler le gap entre diversité génétique et diversité phénotypique.

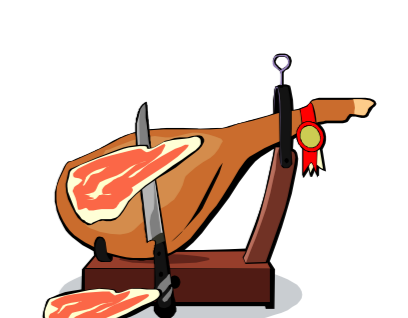
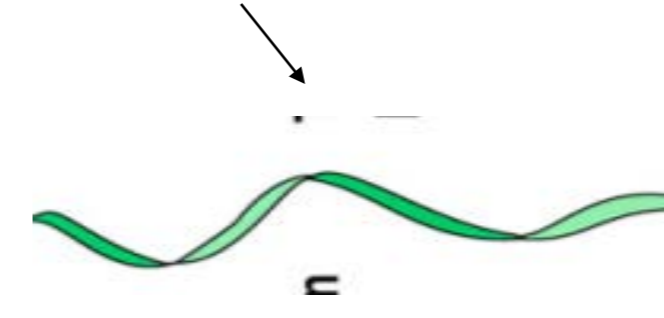
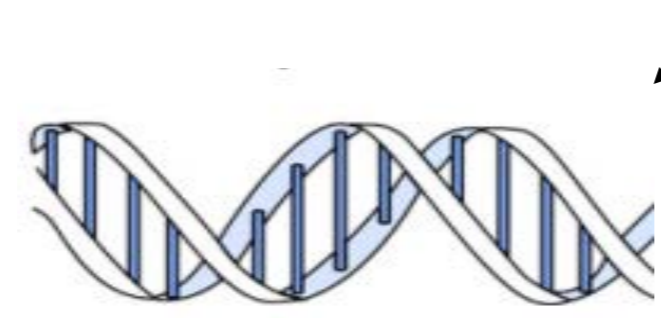
Magali SANCRISTOBAL, Simon BOITARD, Marcel BOUFFAUD, Cécile CANLET, Léonor CHALTIEL, Claude CHEVALET, Patrice DEHAIS, Marine DUMONT, Maria-Inès FARIELLO-RICO, Hélène GILBERT, Yvo GUT, Nathalie IANNUCELLI, Christophe KLOPP, Béatrice LAURENT, Zhilei LI, Laurence LIAUBET, Marie-José MERCAT, Denis MILAN, J. MOLINA, Nelly MULLER, Alain PARIS, Juliette RIQUET, Claire ROGEL-GAILLARD, Florian ROHART, Marie-Pierre SANCHEZ, Maria del Pilar SCHNEIDER, Bertrand SERVIN, Agnès SOLOMIAC, Laurence SOUCHU, Thierry TRIBOUT, Nathalie VILLA-VIALANEIX, Diana ZELENICA

Laboratoire de Génétique Cellulaire, INRA Toulouse,

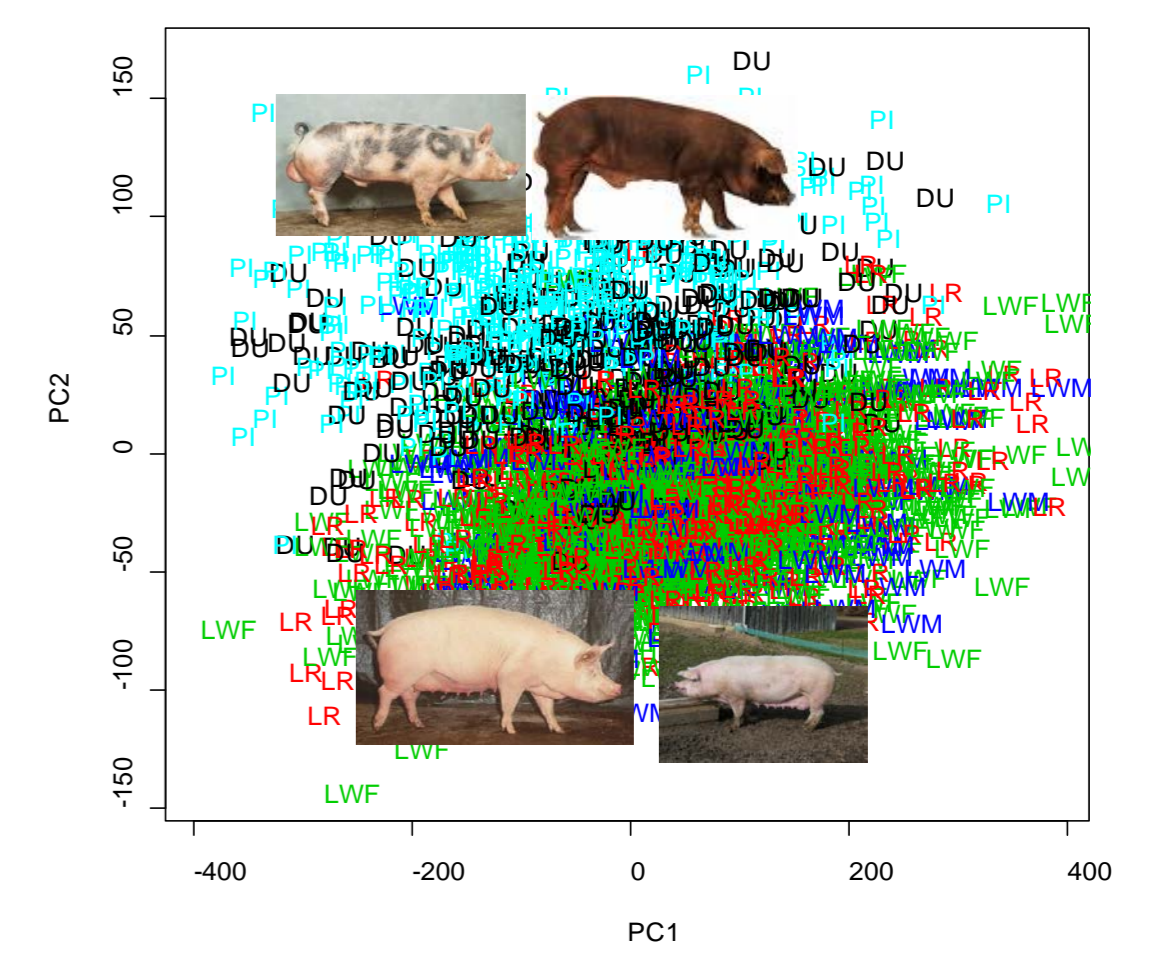
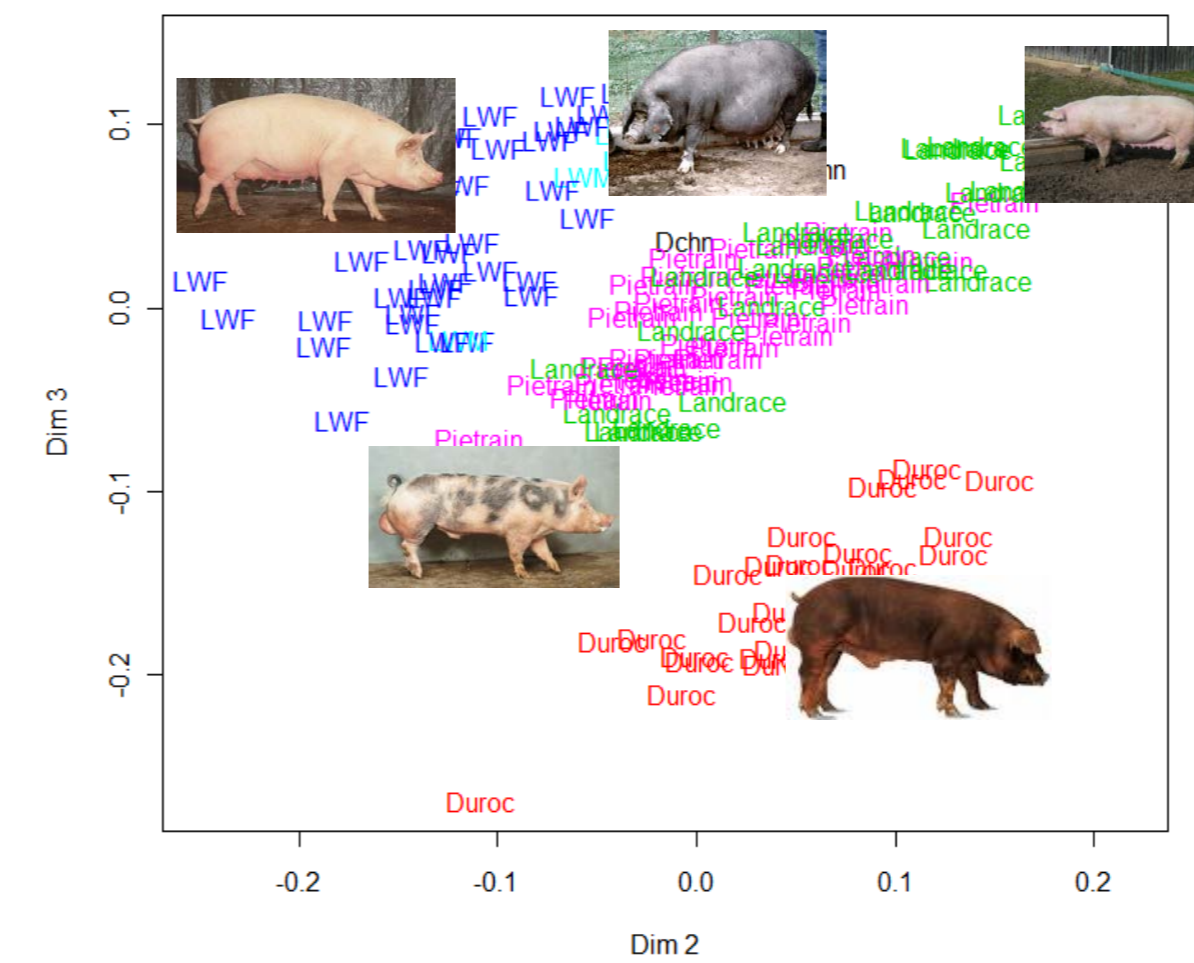
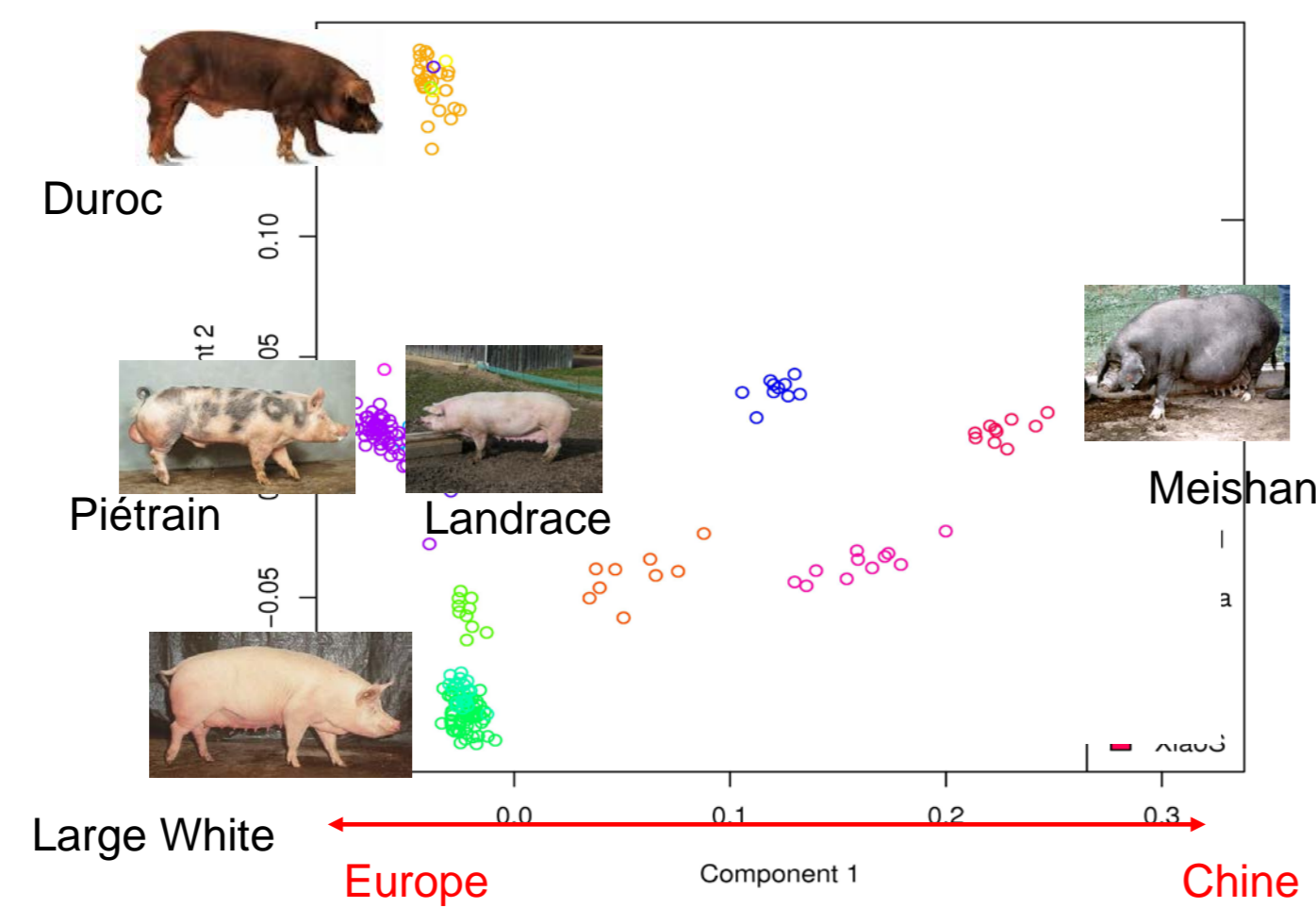
GABI INRA Jouy-en-Josas, Sigeneae, INRA LeRheu, Bioporc, Genoscope, Plateforme Métatoul, Institut de Mathématiques de Toulouse, INSA Toulouse, SAMM Univ. Paris1

Constat

La diversité intra et inter populations n'a pas la même structure au niveau génomique, transcriptomique ou phénotypique.



Exemple dans l'espèce porcine. Données non publiées issues du projet ANR-Bioporc « DéLiSus »

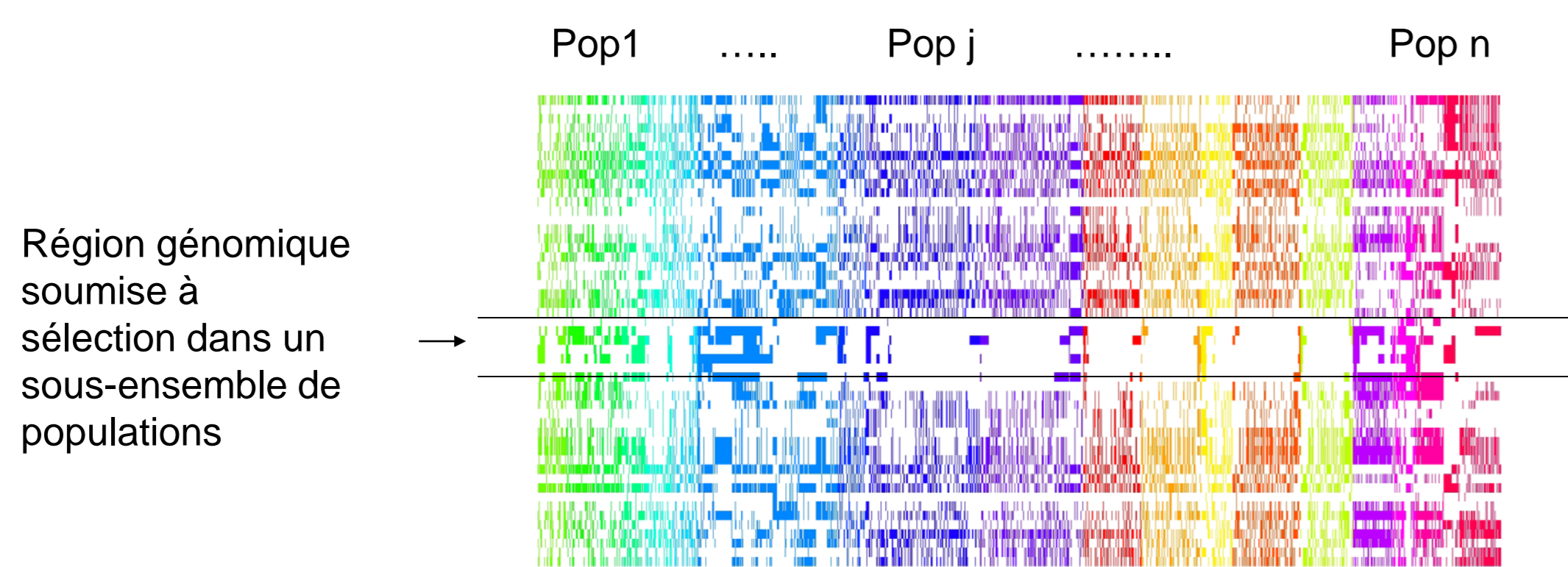


Quels mécanismes évolutifs ont façonné ces diversités ?

Stratégie

Combiner la génétique des populations et la biologie intégrative. Quelques exemples ...

On détecte des signatures de sélection au niveau génomique, dans certaines populations.

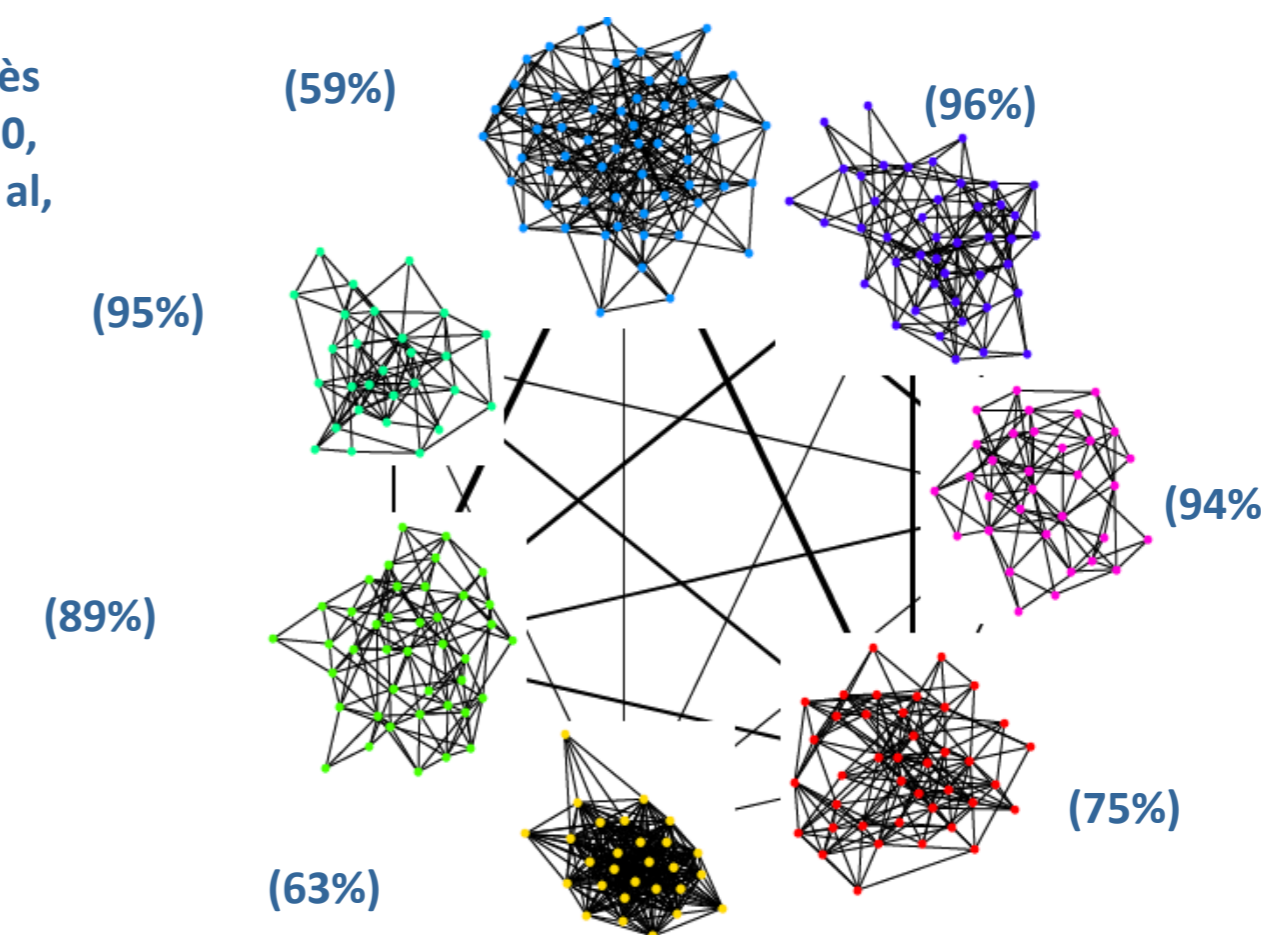


Comment la sélection a-t-elle agit au niveau transcriptomique ? protéomique ? métabolomique ?

Des liens (*i.e.* fonctions biologiques communes) existent-ils entre ces différentes cibles de la sélection ?

Les interactions géniques sont complexes et peuvent être appréhendées à l'aide de réseaux de co-expression, dont la structure révèle les fonctions biologiques sous-jacentes.

Enrichissement en une fonction biologique (d'après Liaubet et al. 2010, Villa-Vialaneix et al, soumis)



Cette structure est-elle commune à toutes les populations ? Comment a-t-elle évolué ?

Conclusion

Intégrer le maximum de disciplines pour intégrer les connaissances disponibles par la biologie haut-débit