



HAL
open science

GENOTROUT - Apport des nouvelles technologies de séquençage (NGS) à l'analyse du génome pseudotétraploïde de la truite arc-en-ciel (2010-2012)

Yann Guiguen, Carine Genet, Edwige Quillet, Jean-Nicolas Volff, Domitille Chalopin, Delphine Galiana-Arnoux, Olivier Jaillon, Patrick Wincker

► To cite this version:

Yann Guiguen, Carine Genet, Edwige Quillet, Jean-Nicolas Volff, Domitille Chalopin, et al.. GENOTROUT - Apport des nouvelles technologies de séquençage (NGS) à l'analyse du génome pseudotétraploïde de la truite arc-en-ciel (2010-2012). 8. Journées AGENAE, Nov 2010, Bordeaux, France. hal-01193660

HAL Id: hal-01193660

<https://hal.science/hal-01193660>

Submitted on 4 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.

GENOTROUT – Apport des nouvelles technologies de séquençage (NGS) à l'analyse du génome pseudotétraploïde de la truite arc-en-ciel

Présenté par : Yann Guiguen
Courriel : yann.guiguen@rennes.inra.fr

GENOTROUT – Apport des nouvelles technologies de séquençage (NGS) à l'analyse du génome pseudotétraploïde de la truite arc-en-ciel (2010-12) Yann GUIGUEN¹, Carine GENÉT², Edwidge QUILLET², Jean Nicolas VOLFF³, Domitille CHALOPIN³, Delphine GALIANA-ARNOUX³, Olivier JAILLON⁴, Patrick WINCKER⁴

Projet soutenu dans le cadre de l'édition 2009 de l'appel à projets GENANIMAL

¹SCRIBE, INRA, Rennes France ; ²GABIE, INRA, Jouy-en-Josas France ; ³IGFL / ENS, Lyon, France ; ⁴Genoscope (CEA - Institut de Génétique), Evry France.

Mots clefs : Séquençage, Génome, Poisson, Truite arc-en-ciel

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.

Principaux résultats obtenus et applications envisageables

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.

Perspectives**Publications issues des travaux soutenus dans le cadre du projet ANR**