



HAL
open science

Transfert d'annotation dans des graphes de pangénome

Nina Marthe

► **To cite this version:**

Nina Marthe. Transfert d'annotation dans des graphes de pangénome. Journées 2024 du PEPR Agroécologie et Numérique, Jan 2024, Rennes, France. hal-04490524

HAL Id: hal-04490524

<https://hal.science/hal-04490524>

Submitted on 5 Mar 2024

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.



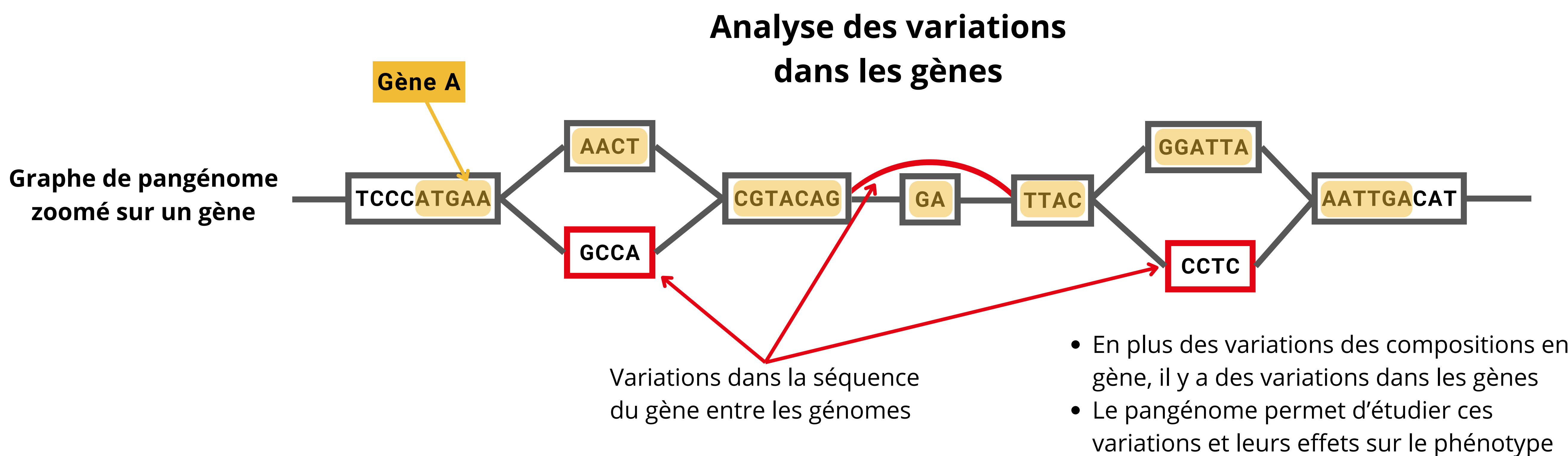
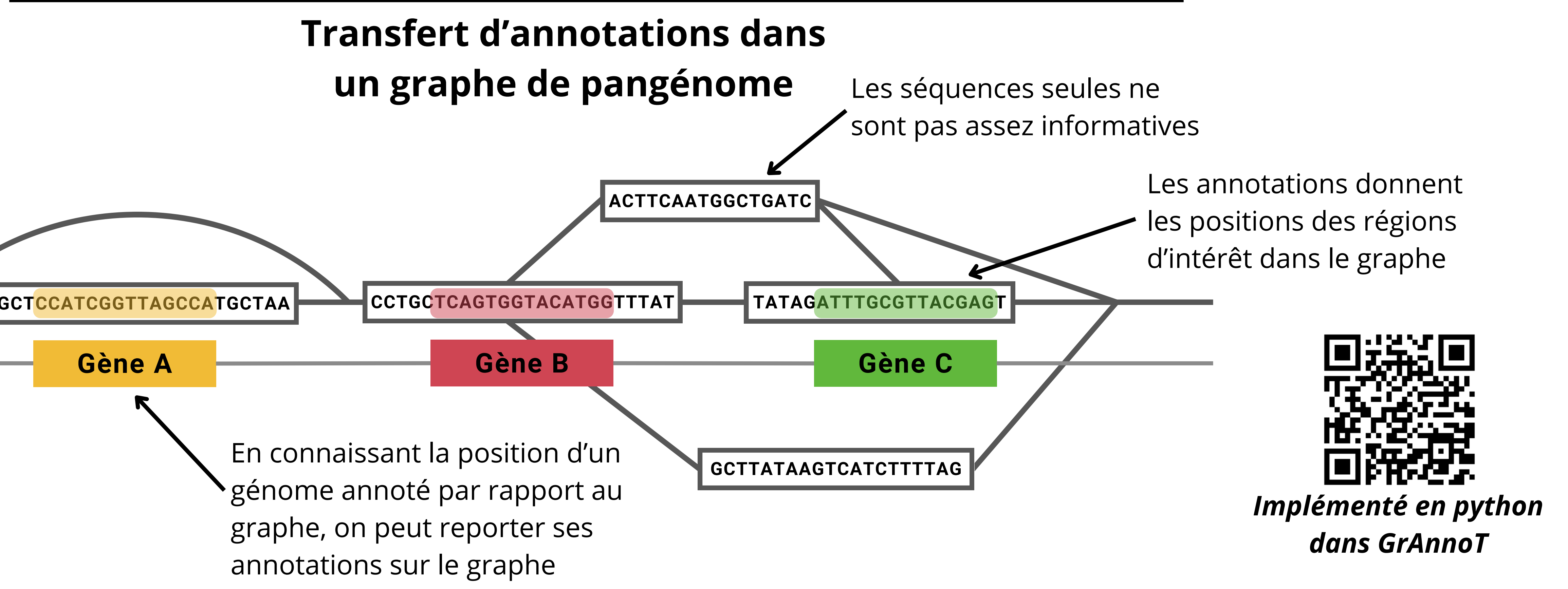
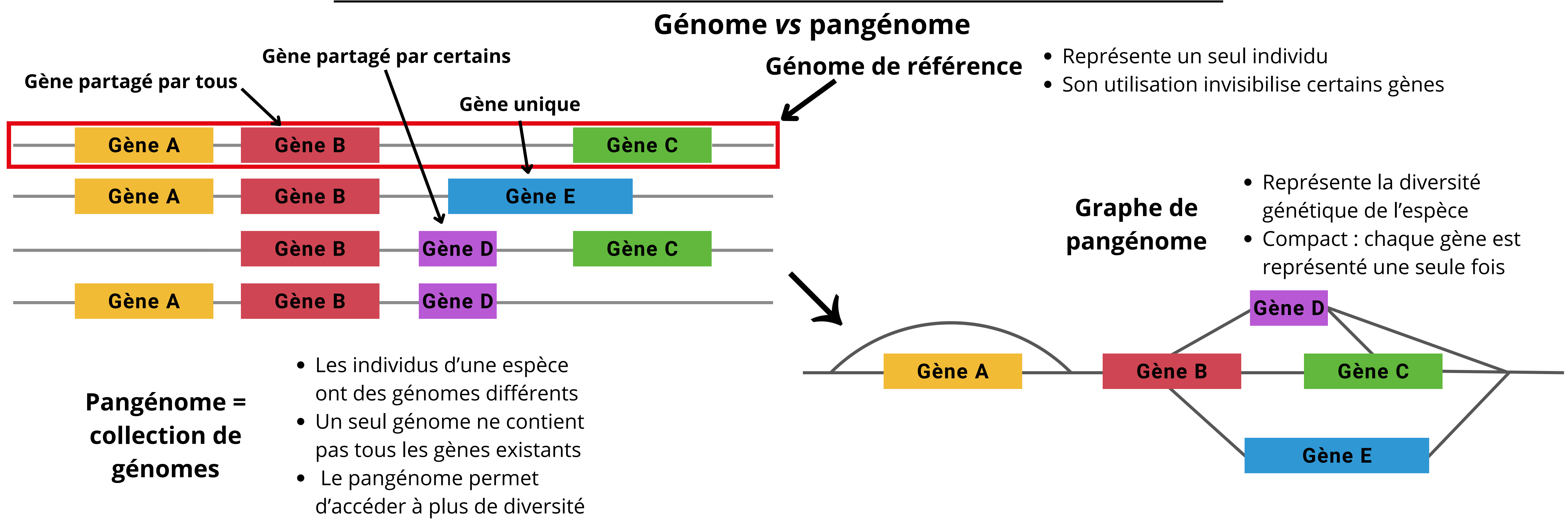
Distributed under a Creative Commons Attribution - NonCommercial 4.0 International License

Nina Marthe, 1ère année de thèse

Encadrement par François Sabot et Matthias Zytnicki

La génomique cherche à élucider le fonctionnement des génomes pour mieux comprendre le vivant. Elle s'appuie classiquement sur le génome d'un individu unique, appelé génome de référence, qui est utilisé comme point de comparaison pour les données génétiques à analyser. Cependant **l'utilisation d'un génome de référence présente de nombreuses limites**, et en particulier entrave l'étude des parties du génome qui ne sont pas présentes chez tous les individus, donc qui peuvent être absentes de la référence. Or ces régions peuvent contenir de nombreux **gènes liés à l'adaptation des espèces** à leur milieu, et il est donc important de les prendre en compte.

Le pangénome, qui contient l'information génétique de **toute une population**, est un outil prometteur pour répondre à cette problématique. Afin d'exploiter plus facilement les informations contenues dans les pangénomes, je vais travailler durant ma thèse sur leur **annotation**, qui consiste à localiser les gènes présents et à leur attribuer une fonction et qui permet de **donner un sens biologique** à une séquence d'ADN.



L'utilisation de pangénome permet de mieux représenter la diversité génétique au sein des espèces que l'on étudie. L'essor de la pangénomique étant relativement récent, il est nécessaire de créer des outils adaptés aux pangénomes afin de faciliter leur usage et de mieux exploiter leur potentiel. L'annotation des pangénomes est une information très utile pour comprendre et interpréter les variations qu'ils contiennent. Mon travail servira donc à améliorer la compréhension des pangénomes et de la diversité génétique qui est présente.