AutoGRAPH: Serveur de génomique comparative

Objectifs:

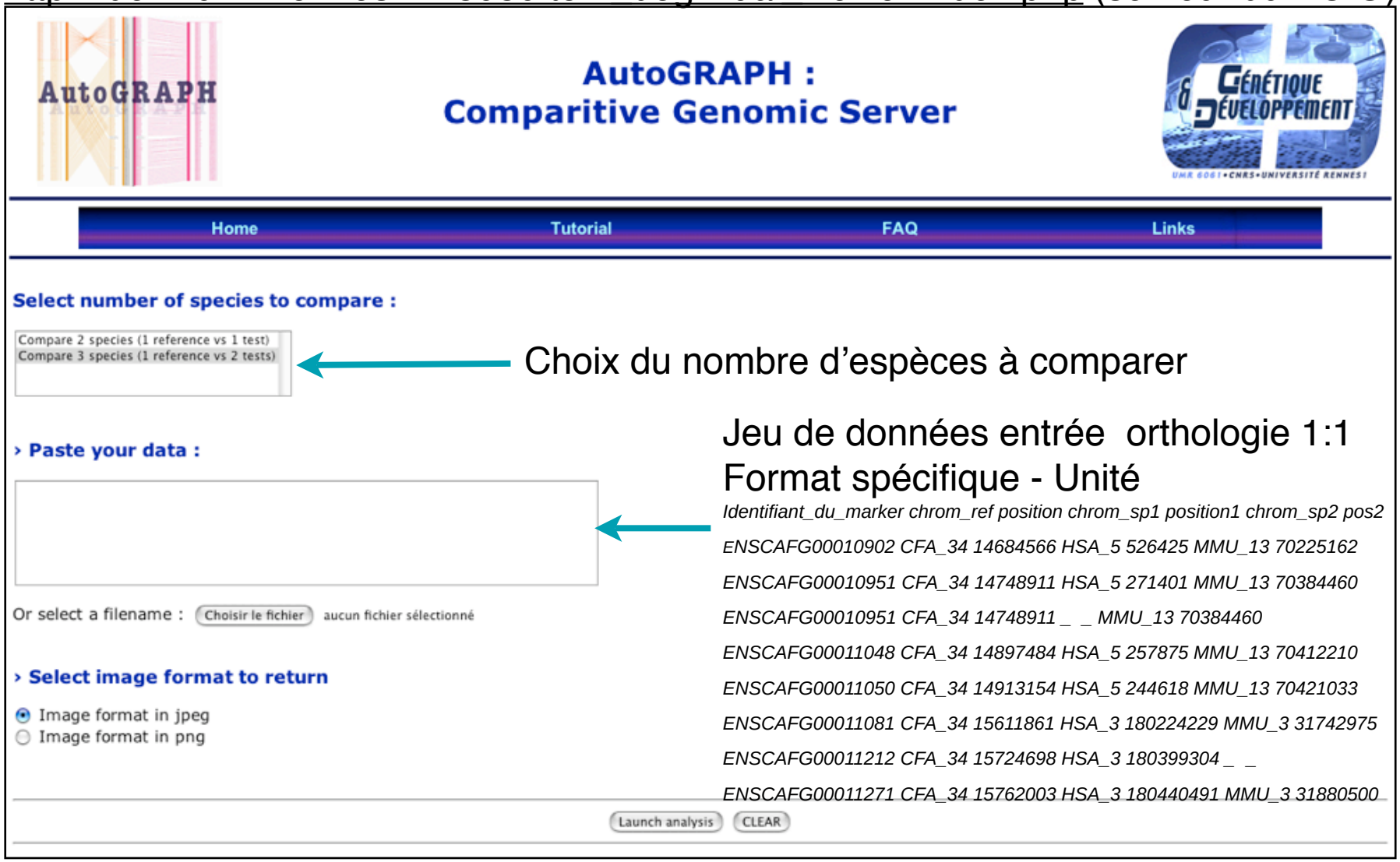
1- Construire des cartes comparées entre 2 et/ou 3 espèces.

2- Représentation graphique des chromosomes et des segments conservés entre espèces.

3- Développer un outil graphique, accessible via le web, de construction de cartes comparées.

Méthodologie:

http://idefix.univ-rennes1.fr:8080/tom_dog/Dual_viewer/index.php (serveur du PCIO)



Méthodologie:

- Exemple de comparaison d'une espèce de référence à 2 autres (Chien-Homme -Souris)

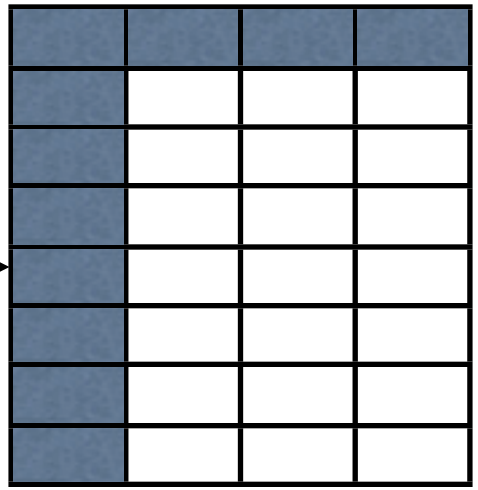
Jeu de données entrée orthologie **(1:1 ou 1:0)**
Format spécifique

Identifiant_du_marker chrom_ref position chrom_sp1 position1 chrom_sp2 pos2

Gene_09159 CFA_34 3210333 HSA_5 14196829 MMU_15 27719234
Gene_09850 CFA_34 3743197 HSA_5 14096829 Unknown 0
Gene_09968 CFA_34 6008592 HSA_5 11024959 MMU_15 30323127
Gene_09997 CFA_34 6643900 HSA_5 10617580 MMU_15 31296332
Gene_10102 CFA_34 7846129 HSA_5 9096009 MMU_15 32247725
Gene_10118 CFA_34 9008069 HSA_5 7922217 MMU_13 64583073

Insertion

Table temporaire **MySQL**

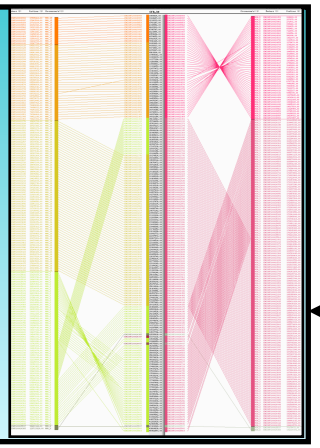


Extraction (ordre)

Extraction des données de la table
- **PHP**
- **Librairie Graphique GD**

Visualisation

Représentation graphique des chromosomes.



Résultats (1ère partie):

Exemple du chromosome 34 canin (CFA34)

AutoGRAPH

Comparative species Genome View

Génétique & Développement
UMR 6061 • CNRS • UNIVERSITÉ RENNES1

Home | Tutorial | FAQ | Links

SPECIES 2

- Data are ordered by test chromosome and test position for species 2.
- 196 markers in your data.
- 182 unique reference positions are diplayed on this figure for species2.

- 7 putative Conserved Segments (CS) identified for species 2.

Master chromosome	CS name (test2)	MIN Coordinate test species 2	MAX Coordinate test species 2	CS Size species 2	Number of marker(s)
CFA_34	MMU_3	21419728.00	75605816.00	54186088	71
CFA_34	MMU_9	78678992.00	78678992.00	0	1
CFA_34	MMU_X	99681144.00	129713920.00	30032776	3
CFA_34	MMU_13	64583072.00	70421032.00	5837960	36
CFA_34	MMU_15	27595464.00	32247724.00	4652260	12
CFA_34	MMU_16	18424724.00	28184914.00	9760190	72
CFA_34	MMU_NT_109050	1278.00	1278.00	0	1

SPECIES 1

- Data are ordered by test chromosome and test position for species 1.
- 196 markers in your data.
- 182 unique reference positions are diplayed on this figure for pecies 1.

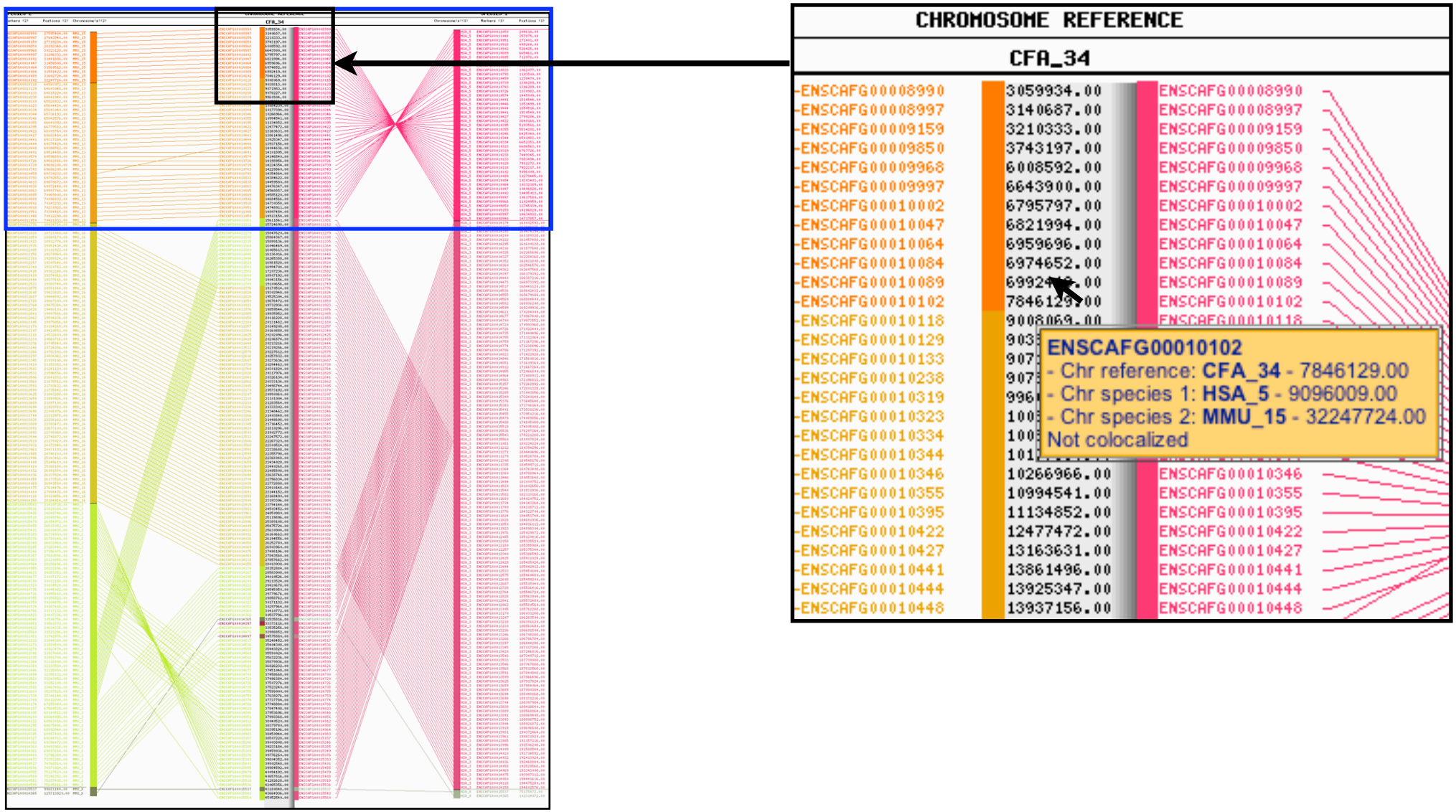
- 4 putative Conserved Segments (CS) identified for species 1.

Master chromosome	CS name (test 1)	MIN Coordinate test species1	MAX Coordinate test species 1	CS Size	Number of marker(s)
CFA_34	HSA_3	160002592.00	194602576.00	34599984	144
CFA_34	HSA_5	244618.00	14717857.00	14473239	48
CFA_34	HSA_6	74282192.00	74282192.00	0	1
CFA_34	HSA_X	75175472.00	102391296.00	27215824	3

Résultats Espèce réf vs espèce testée (n°2):
- Chien vs Souris
- Nb de segments conservés: 7

Résultats Espèce réf vs espèce testée (n°1):
- Chien vs Homme
- Nb de segments conservés: 4

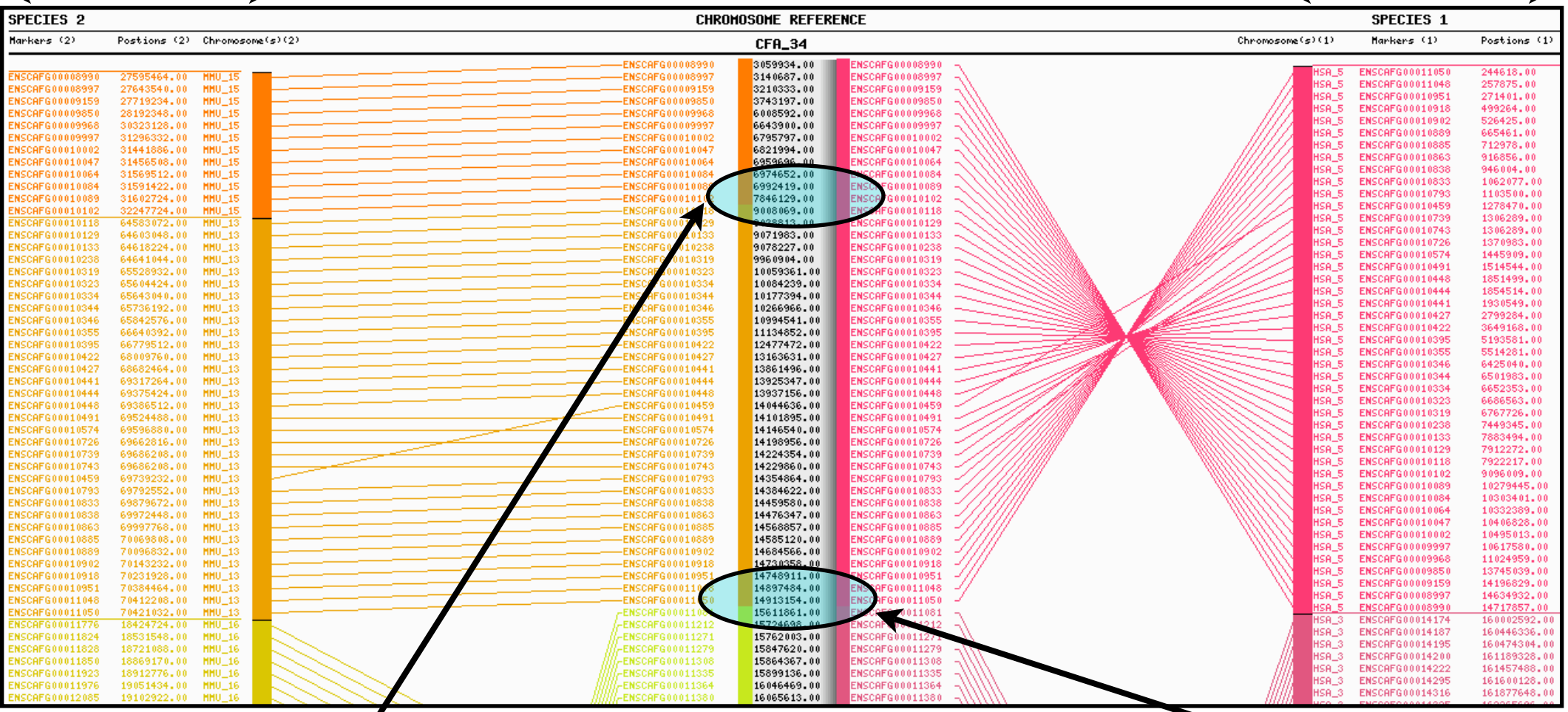
Résultats (2ème partie):



Résultats (2ème partie):

Segments conservés Souris

Segments conservés Humains

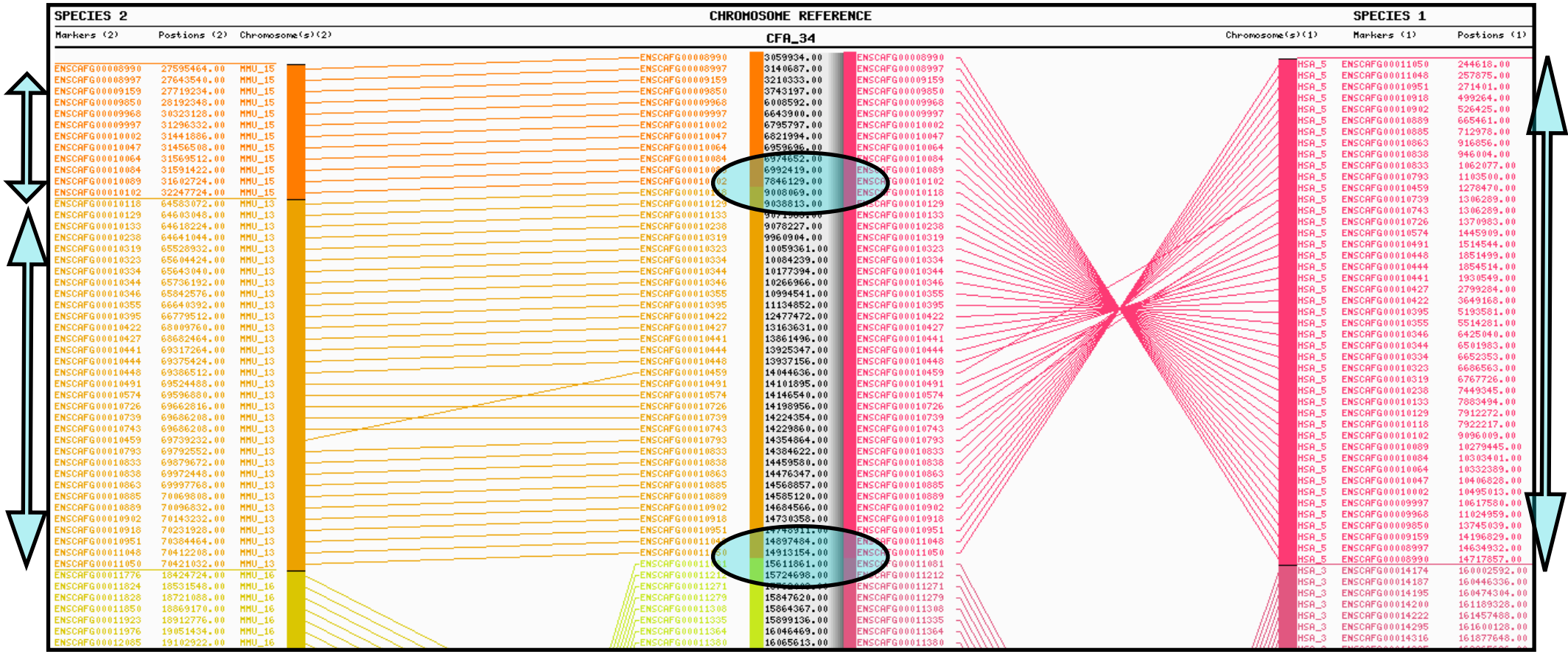


Une rupture de Synténie spécifique entre Chien et Souris

Une rupture de Synténie partagée entre Chien et Souris

Applications : Evolution- Phylogénie

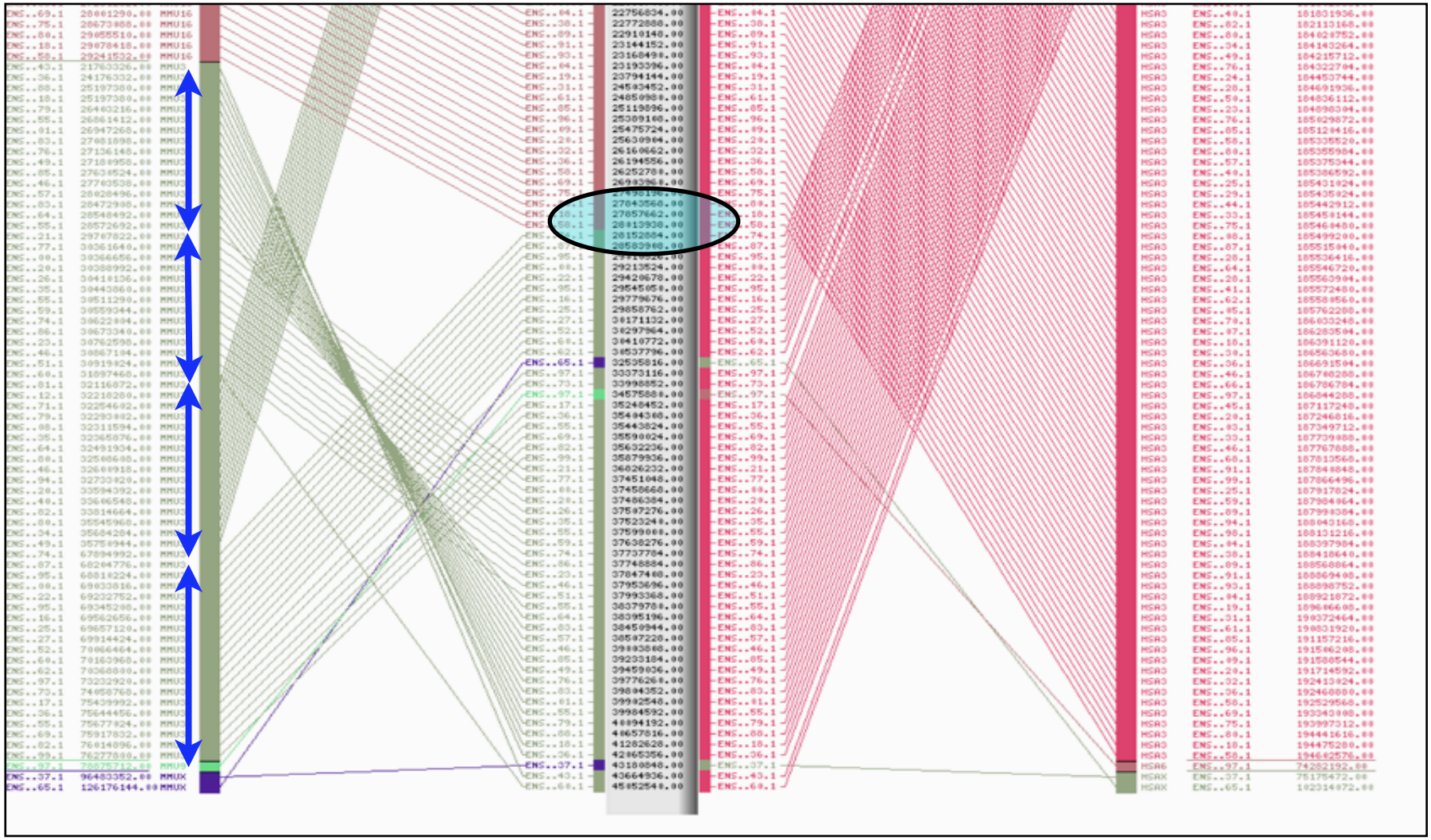
- Identification des segments conservés d'une espèce versus 1 ou 2 autres .
- Inversion et colinéarité de segments conservés.
- Identification des ruptures de synténie (breakpoint) (conservées/spécifiques).
- Ordre des gènes le long d'un chromosome de référence.



Applications : Evolution- Phylogénie

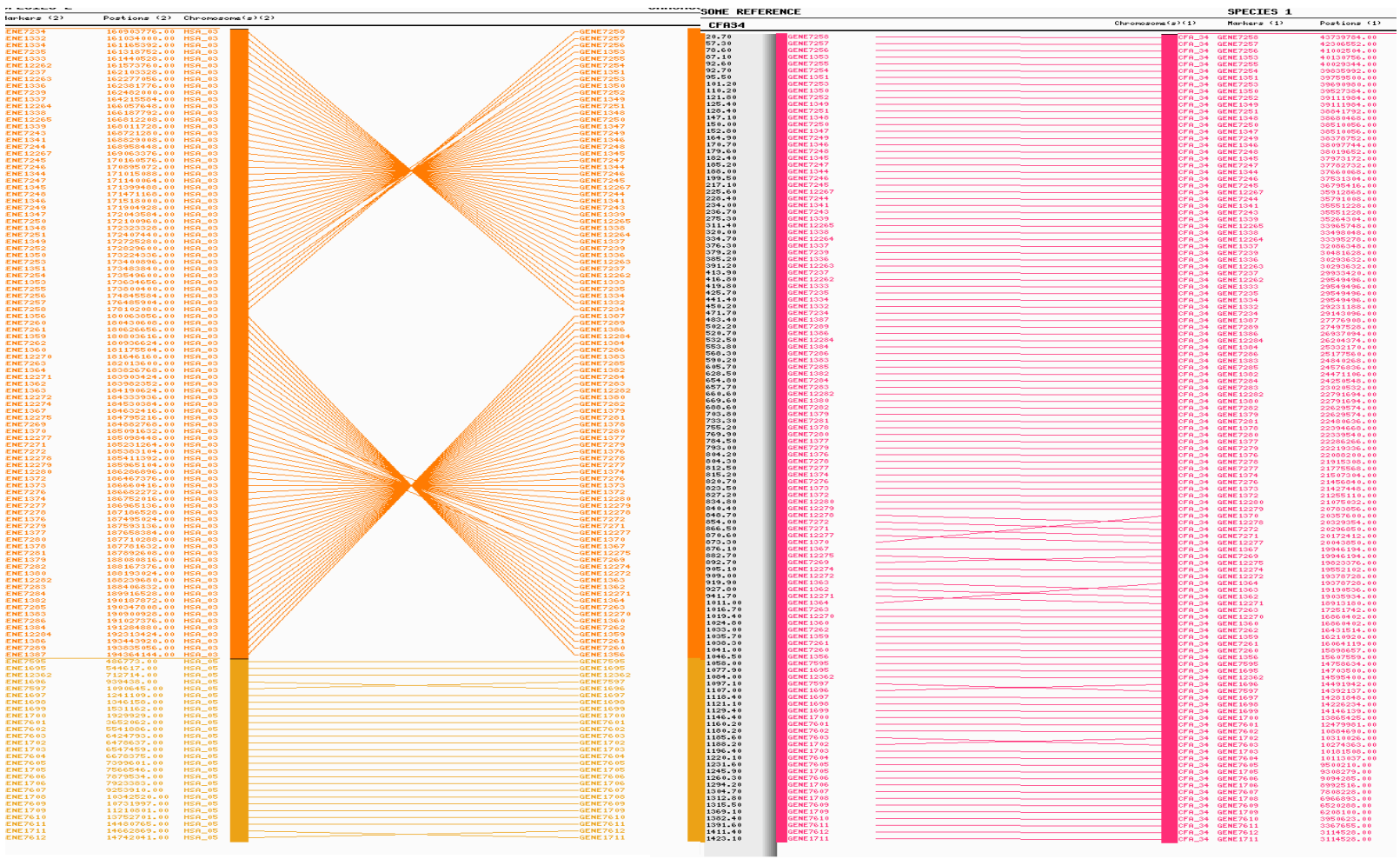
- Identification des Segments conservés **ordonnés** à l'intérieur d'un CS.

4 CSO



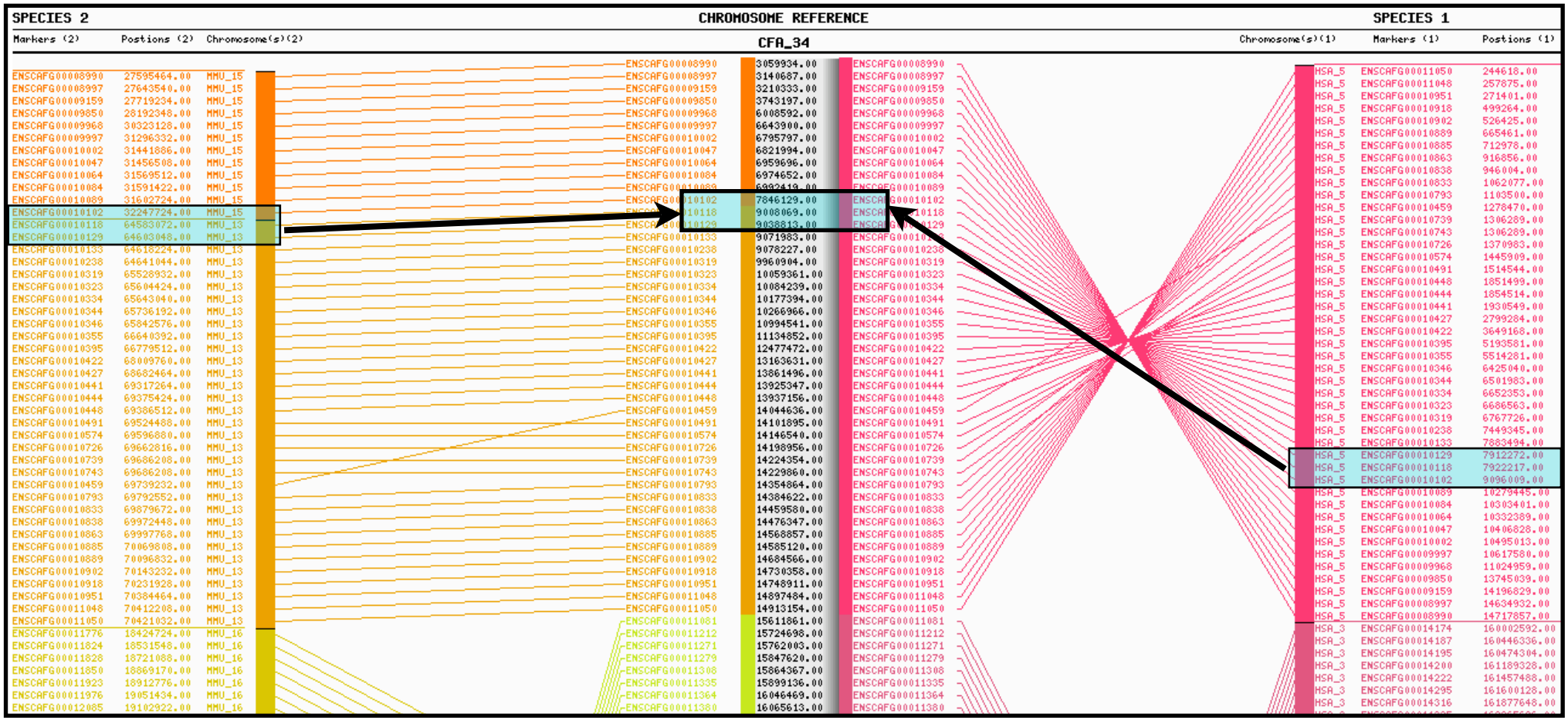
Applications :Validation de la méthode cartographie

Exemple : Comparaison de l'ordre de la carte RH (au centre) et de la séquence pour le CFa34 (droite) par rapport aux segment conservés humains.



Applications : Gène candidat

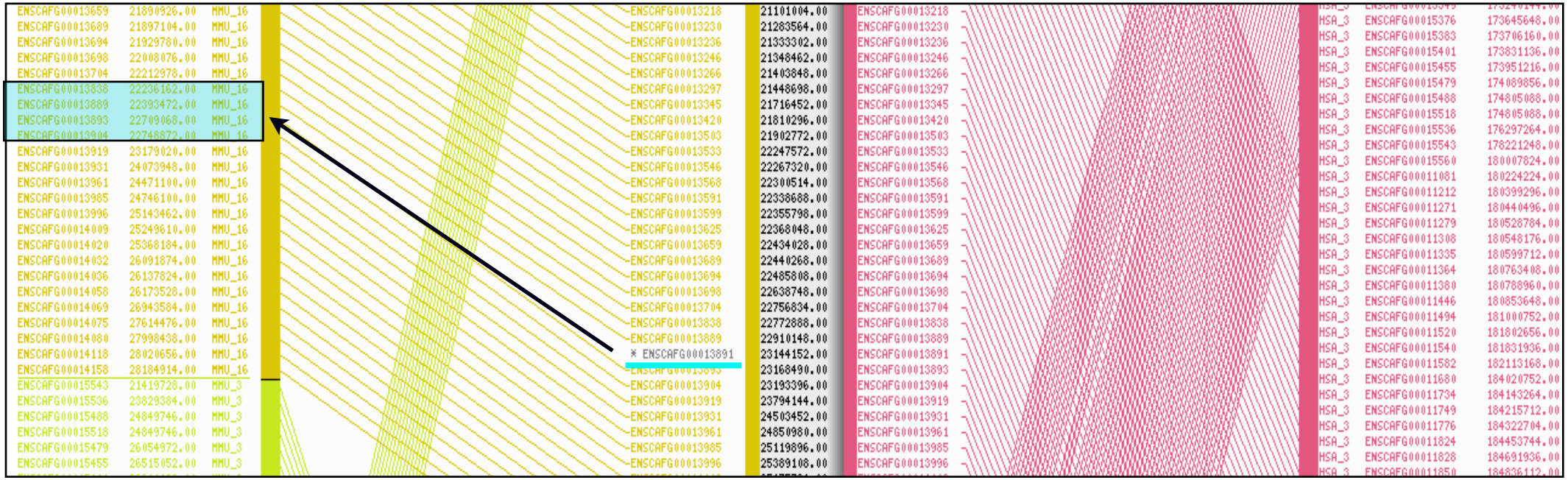
- Exemple au laboratoire : 2 maladies génétiques héréditaires
- Zone candidate chez le chien
- Identifier chez les autres espèces



Applications : Recherche d'orthologues

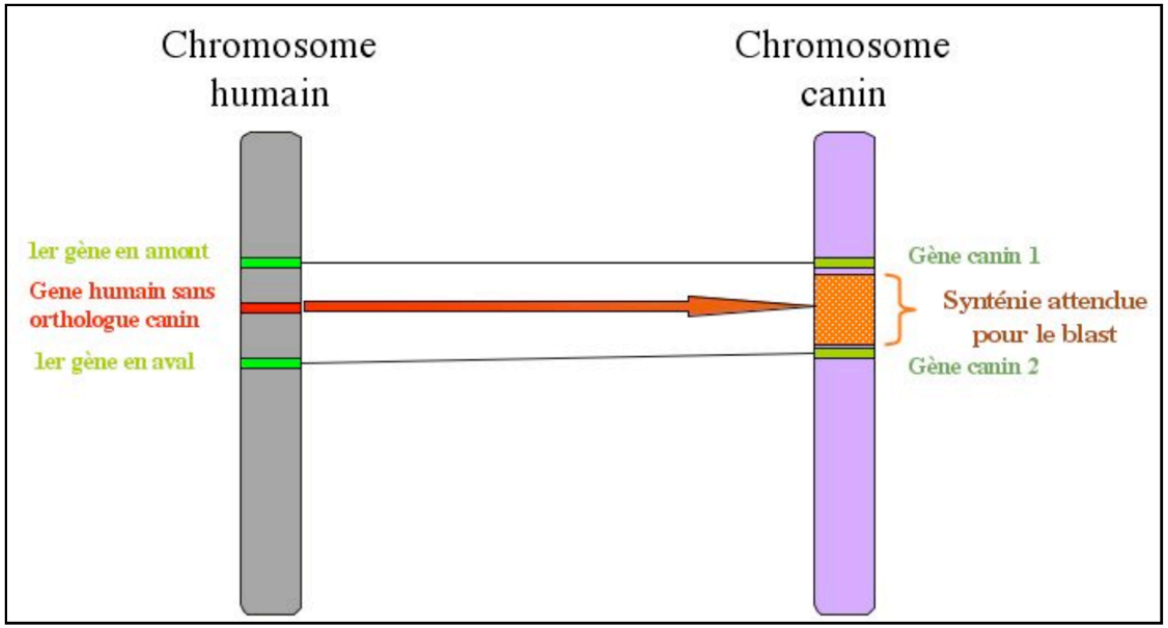
- Cas des relations 1:0
- Symboliser par une couleur particulière et astérisque (*).
- Définition d'un environnement synténique attendu.
- Confirmation par la 3ème espèce.

Environnement synténique attendu pour la localisation de l'orthologue souris du gène canin



Perspectives:

- Utilisation d'autoGRAPH dans le but de rechercher les gènes humains n'ayant pas d'orthologues canins - Amélioration de l'annotation du génome canin.
- **18,201** gènes canins annotés par Ensembl et **22,218** chez l'Homme.



Définition de l'environnement synténique attendu chez le chien pour les 5,000 gènes humains n'ayant pas d'orthologue canins + Confirmation par Blast-Réciproque

Conclusions

↓

Remerciements

↓

Questions ?