

Équipe Baobab

Cartographie comparée

GeMCore : une base de connaissances dédiée à la cartographie comparée des génomes de vertébrés

1. **Au niveau conceptuel** : Modélisation « objet association » des connaissances au formalisme UML.

2. **Au niveau physique** : Implémentation du modèle à l'aide du SGBDRO PostgreSQL.

3. **Au niveau externe** :

- Interface de mise à jour automatique des données (Ensembl, Genbank, Homolens, Orthogen).

- Interface Utilisateur et Service WEB d'interrogation, de visualisation et d'analyse des données :

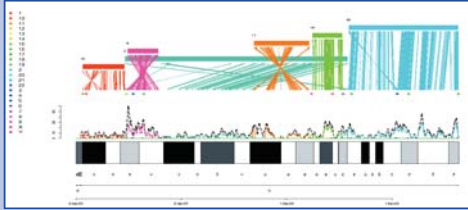
- i. de génomique comparative ;
- ii. de SNPs obtenus à partir de l'analyse comparative de données d'ESTs (DigiPINS).



http://biomserv.univ-lyon1.fr/gem_home.php

Ex. Service WEB de visualisation des régions conservées entre le chromosome 2 de la souris et le génome humain.

De haut en bas sont représentés :
 - les synténies conservées chez l'homme.
 - la densité en gènes du chromosome 2 de la souris.
 - la carte cytogénétique du chromosome 2 de la souris



Étude des régions de cassure

Question :

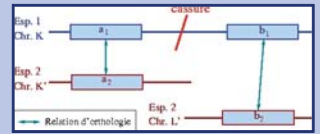
Apparition des réarrangements dans les génomes :

- "random breakage" : localisation aléatoire le long du génome
- "hotspots" : zones du génome "plus favorables" aux réarrangements

Méthode :

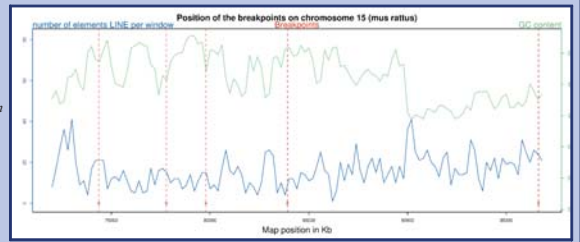
=> Localisation des régions de cassure par analyse comparative

- basée sur l'ordre des gènes orthologues
- alignements des parties non codantes



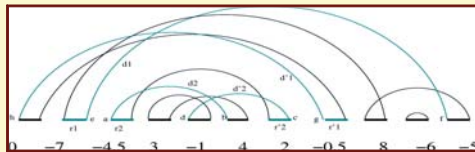
Ex :

- composition en bases (ix de GC), en mois de taille n
- éléments répétés (él. transposables, répétitions simples, en tandem, ...)
- densité en gènes
- état de la chromatine
- taux de recombinaison
- etc.



Réarrangements

Scénarios d'inversions



Etude des graphes dont la structure garantit l'optimalité des solutions

Algorithmes très rapides de tri par inversions

Discrimination des solutions avec le critère de préservation des segments conservés

Test de compatibilité entre l'optimalité des solutions et la préservation des segments conservés

0	-7	3	-1	4	2	8	-6	-5	9
0	1	-3	7	4	2	8	-6	-5	9
0	1	-3	-2	-4	-7	8	-6	-5	9
0	1	2	3	4	7	8	-6	-5	9
0	1	2	3	4	-8	-7	-6	-5	9
0	1	2	3	4	5	6	7	8	9

0	-7	3	-1	4	2	8	-6	-5	9
0	-7	3	-4	1	2	8	-6	-5	9
0	-7	4	-3	-2	-1	8	-6	-5	9
0	-7	-4	-3	-2	-1	8	-6	-5	9
0	1	2	3	4	7	8	-6	-5	9
0	1	2	3	4	5	6	7	8	9

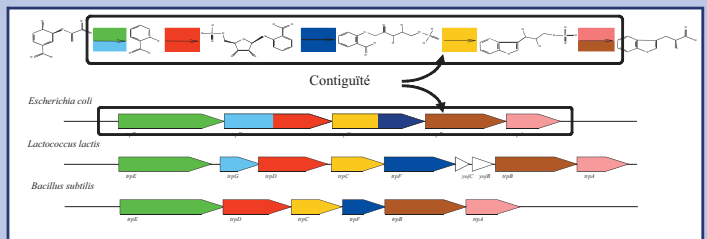
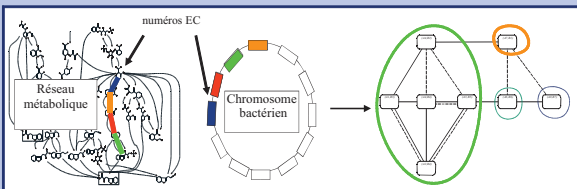
& conservation

Organisation génomique et métabolisme

Idée :

Exploiter la structuration des génomes bactériens en opérons pour identifier conjointement voies métaboliques et opérons.

(le code couleur représente la relation : gène → enzyme → réaction)



Formalisation :

Le problème de l'identification conjointe de voies métaboliques et d'opérons peut être formalisé comme un problème de partitionnement de graphe.

dans les génomes