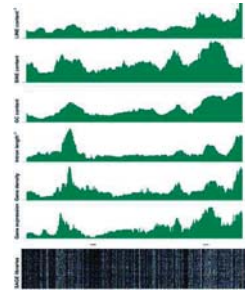


La question de la structuration d'un génome en régions homogènes représente une des plus anciennes préoccupations du laboratoire. Deux approches complémentaires permettant de détecter des structures spatiales le long des génomes sont ici présentées.

⇒ **Détection d'isochores à partir de Modèles de Markov Cachés**
⇒ **Analyse de la sur- et sous-représentation en dinucléotides**



Versteeg et al. 2003

Matériels & Méthodes

1. Trois modèles HMM sont entraînés et adaptés à chaque région d'isochores.
2. Sur des fenêtres de 100kb, on calcule la probabilité $P = P[\text{modele}|\text{fenetre}]$.
3. Le modèle ayant la plus forte P est retenu pour caractériser la fenêtre.

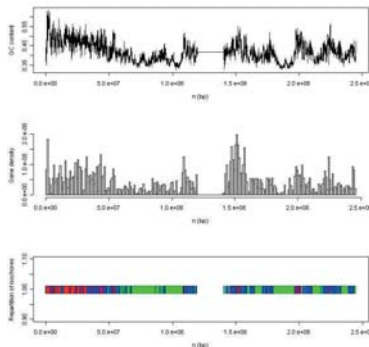
⇒ Application au génome humain (données Hovergen et Ensembl)

1. Chaque génome est divisé en séquences codantes et séquences intergéniques
2. Sur chaque séquence on calcule une fréquence normée pour chaque dinucléotide
3. On compare ces fréquences entre génomes pour chacun des deux groupes de séquences

⇒ Application aux génomes bactériens (données GReview)

L'ensemble des calculs est réalisé au Centre de Calcul de l'IN2P3 **CC-IN2P3**

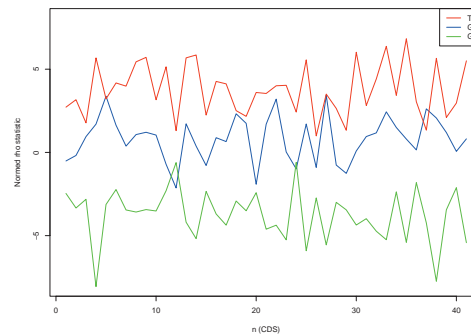
Résultats



Prédiction de la structure en isochores du chromosome 1 de l'homme

Cette étude a permis de mettre en évidence :

- une **régionalisation en isochores** le long du génome humain
- une bonne correspondance entre les isochores prédits par notre modèle et les **propriétés** qui leurs sont liés notamment la densité en gènes plus importante et un fort G+C dans les régions en H



Structuration d'une partie du chromosome de Borrelia burgdorferi

Cette étude a permis de mettre en évidence :

- des **corrélations non-attendues** entre dinucléotides
- aucun lien entre la fréquence des dinucléotides et certaines **caractéristiques de l'habitat** notamment l'exposition aux UVs des micro-organismes.

Perspectives : Génomique comparative

Étudier la structure en isochores et son évolution chez les Vertébrés (*Chimpanzé, Poulet, Souris, Tetraodon*)

Déterminer le lien entre structure génomique et habitat
Détecter des transferts horizontaux par comparaison de structures génomiques.