

Présentation des projets financés au titre de l'édition 2009 du
Programme « Génomique et Biotechnologies Végétales »

Axe Génomique Microbienne à Grande Echelle

ACRONYME et titre du projet	Page
Funglsochores : Isochores and effectors : genome reshaping and the birth of highly pathogenic species in fungal phytopathogens	2
GEMO : Evolutionary Genomics of Magnaporthe oryzae	4
PELICAN : Competing for light in the ocean: An integrative genomic approach of the ecology, diversity and evolution of cyanobacterial pigment types in the marine environment	6
PROMETHEUS : Project on Metagenomics/transcriptomics of the global ocean unicellular Eukaryotes	8
TARA-GIRUS : Tara-Oceans? Girus Inventory and Resources	9
EUMETASOL : Exploration du métatranscriptome eukaryote des sols – une ressource biotechnologique	11

Programme « Génomique et Biotechnologies Végétales »
Axe Génomique Microbienne à Grande Echelle

Edition 2009

FUNGI SOCHORES	Isochores and effectors : genome reshaping and the birth of highly pathogenic species in fungal phytopathogens
Résumé	<p>Le champignon phytopathogène <i>Leptosphaeria maculans</i> présente la particularité d'avoir un génome organisé en isochores: il présente des alternances marquées entre grandes régions au taux de GC homogène. Les isochores riches en AT représentent 36% du génome et sont constitués d'éléments transposables (ET) tronqués et dégénérés. Par rapport aux régions plus conventionnelles du génome riches en gènes et pauvres en ET, les isochores AT sont aussi fortement enrichis en gènes potentiellement impliqués dans la pathogenèse fongique (effecteurs). L'objectif du projet FungIsochores est de savoir si l'on peut généraliser à d'autres phytopathogènes fongiques le rôle des isochores AT en tant que « niche écologique » spécifique pour les effecteurs dans le génome, et d'analyser le long d'une série évolutive les événements à l'origine de la génération des isochores et des effecteurs, en lien avec les mécanismes d'acquisition et de diversification des effecteurs. Pour ce faire, il est proposé de séquencer <i>de novo</i> (Sanger & Titanium 454) l'intégralité du génome de l'agent de la tavelure du pommier, <i>Venturia inaequalis</i>, choisi car des données préliminaires suggèrent une structuration du génome en isochores similaire à celle de <i>L. maculans</i> (et la présence spécifique d'effecteurs au sein des isochores AT). En parallèle, il est proposé de séquencer trois espèces du complexe <i>Leptosphaeria</i>, correspondant à une série évolutive aboutissant en final à <i>L. maculans</i> (Titanium 454 & Solexa). Suite au séquençage et à l'assemblage, effectués par le Genoscope en tant que prestataire de service, les génomes seront annotés automatiquement par la plate-forme de génomique fongique de l'INRA (URGI, Partenaire 3) et le « Genome Browser » correspondant mis à disponibilité de la communauté scientifique. FungIsochores utilisera ces données de séquence annotées pour développer des analyses plus spécifiques : (i) présence et caractéristiques des isochores dans le génome de <i>V. inaequalis</i>, (ii) annotation des ETs et histoire de l'invasion des génomes par les ETs puis de leur inactivation dans la série évolutive <i>Leptosphaeria</i>, (iii) génomique comparative entre les espèces/sous-espèces de la série évolutive <i>Leptosphaeria</i> pour évaluer l'incidence des ET sur la génération des isochores, le remodelage du génome et le gain/perte de gènes pertinents pour la pathogenèse, (iv) recherche systématique d'effecteurs dans les génomes des espèces séquencés, recherche</p>

	<p>d'indications d'acquisition non conventionnelle (transfert horizontal), et analyse fonctionnelle des effecteurs dans la série évolutive <i>Leptosphaeria</i>. Ce projet est planifié pour durer 42 mois. Il regroupe trois équipes « académiques » présentant les expertises, ressources et équipements nécessaires à son accomplissement. Outre la plate-forme de génomique fongique mentionnée ci-dessus, les partenaires du projet sont l'UMR PAVE INRA-Agrocampus Ouest-Université d'Angers (Partenaire 2) en tant qu'expert dans la biologie, la génétique et la génétique des populations de <i>V. inaequalis</i>, responsable du projet de séquençage de cette espèce, et l'UMR INRA-AgroParis Tech BIOGER de Grignon (partenaire 1) en tant que spécialiste de la génétique moléculaire des interactions entre <i>L. maculans</i> et sa plante-hôte, de l'analyse de la structure du génome et des effecteurs fongiques. Le partenaire 1 était aussi le leader du projet de séquençage du génome de <i>L. maculans</i> réalisé au Genoscope. Funglsochores est principalement un projet de recherche finalisée. En tant que tel, ses sorties seront principalement de nouvelles données de séquence, l'enrichissement de bases de données spécialisées (effecteurs, ET), de nouvelles connaissances sur la relation entre structure du génome et pathogenèse chez les champignons phytopathogènes, des rapports de stage (M2, thèse) et des publications scientifiques dont on peut espérer un niveau conséquent au vu de l'originalité du projet.</p>
Partenaires	Bruno Le Cam - INRA, UMR 77, 49071 Joelle Amseleme - INRA U 1164, 78026
Coordinateur	Thierry Rouxel – INRA, UMR 1290, 78850
Aide de l'ANR	513 k€
Début et durée	Janvier 2010 - 42 mois
Référence	ANR- 09-GENM-028
Label pôle	VEGEPOLYS

Programme « Génomique et Biotechnologies Végétales » Axe Génomique Microbienne à Grande Echelle

Edition 2009

GEMO	
Génomique Evolutive de <i>Magnaporthe oryzae</i>	
Résumé	<p>Augmenter la production agricole en réduisant l'utilisation d'intrants nuisibles à l'environnement et/ou à l'Homme est un challenge pour notre agriculture. Développer des méthodes de lutte intégrée contre les bioagresseurs des plantes cultivées peut contribuer significativement à cet objectif. L'évolution des agents pathogènes vers une meilleure adaptation à leur environnement, et en particulier à leur hôte, ne peut être évitée. Mais la durabilité d'une stratégie de lutte peut être améliorée par une meilleure connaissance des déterminants génétiques qui chez l'agent pathogène permettent cette adaptation. Les capacités actuelles de séquençage rendent possible l'identification de ces déterminants génétiques à l'échelle de génomes entiers et l'étude de leur évolution par des approches de génomique comparative au sein d'une espèce. Nous proposons de séquencer les génomes de plusieurs souches du champignon phytopathogène modèle <i>Magnaporthe oryzae</i> et d'exploiter ces séquences pour caractériser le catalogue de gènes impliqués dans la pathogénie et l'adaptation à l'hôte, et étudier leur évolution. Nous séquencerons 7 souches de l'espèce <i>M. oryzae</i> représentant différents groupes génétiques pathogènes de différentes espèces de Poacées et une souche de l'espèce sœur <i>M. grisea</i>. Des ESTs produites lors d'infection par deux souches pathogènes du riz et du blé sur leur hôte seront aussi séquencées. Ces séquences seront assemblées et annotées, en s'appuyant sur le génome déjà disponible d'une souche de <i>M. oryzae</i> pathogène du riz. L'utilisation de différents pipelines d'annotation, maîtrisés par le partenaire en bioinformatique du projet, permettra le recensement et l'analyse comparative de différentes familles de gènes potentiellement impliquées dans la pathogénie (gènes du métabolisme secondaire, enzymes de dégradation des parois, petites protéines sécrétées). Les données de transcriptome de deux souches de spécificité d'hôte différentes seront comparées pour identifier des gènes clés dans la spécialisation parasitaire. La fluidité des génomes sera caractérisée par l'analyse de synténie et par l'identification et la localisation des éléments répétés. L'impact de ces réarrangements sur les gènes du pouvoir pathogène et de spécificité d'hôte sera testé. Des traces de sélections dans les zones codantes et régulatrices seront recherchées par différentes méthodes. L'ensemble de ces données sera intégré à une base de données que nous développerons sur le modèle de bases existantes. Cet outil sera</p>

	à terme accessible publiquement. A l'heure actuelle les études de génomique comparative chez les champignons phytopathogènes sont limitées à des comparaisons entre espèces. Avec la "démocratisation" du séquençage des génomes complets, des projets concurrents de séquençage de génomes d'une même espèce vont probablement voir le jour rapidement. Ce projet donnera aux équipes participantes un avantage décisif sur une espèce modèle au niveau international.
Partenaires	Chiapello Hélène - INRA UPR 1077, 78352
Coordinateur	Elisabeth Fournier - CIRAD-Bios UMR 385, 34398
Aide de l'ANR	433 k€
Début et durée	Janvier 2010 - 48 mois
Référence	ANR- 09-GENM-029
Label pôle	

Programme « Génomique et Biotechnologies Végétales » Axe Génomique Microbienne à Grande Echelle

Edition 2009

PELICAN	Compétition pour la lumière dans l'océan: une approche génomique intégrée de la diversité, l'écologie et l'évolution des types pigmentaires de cyanobactéries dans le milieu marin
Résumé	<p>La compétition des organismes photosynthétiques pour la lumière a induit le développement d'une remarquable diversité de pigments et de protéines chromophorylées au cours de l'Evolution. Cette diversité est particulièrement étonnante chez les cyanobactéries marines du genre <i>Synechococcus</i>, l'un des deux phototrophes oxygéniques les plus abondants sur Terre. Six types pigmentaires distincts ont été décrits à ce jour chez ce genre, le plus sophistiqué étant capable de changer de pigmentation selon la couleur de la lumière ambiante. Cette grande variété de pigmentation joue probablement un rôle crucial dans la structure des communautés de <i>Synechococcus</i>. Elle provient de différences dans la composition des complexes collecteurs de la lumière ('phycobilisomes' ou PBS), qui sont composés de combinaisons variées de 'phycobiliprotéines', chacune fixant un à trois types de chromophores (ou 'phycobilines') différents. La plupart des gènes impliqués dans la synthèse et la régulation des 'bras' des PBS (la partie la plus variable de ces complexes) est rassemblée dans une région spécialisée de taille comprise entre 9 et 28,5 kpb. Dans le projet PELICAN, nous proposons une étude à grande échelle de la diversité des gènes de PBS i) en culture, en séquençant 20 souches de <i>Synechococcus</i> (en plus des 12 génomes actuellement disponibles) et ii) dans le milieu naturel, en séquençant des fosmides contenant la principale région PBS de <i>Synechococcus</i> collectés dans différents régimes trophiques en mer Méditerranée. Le séquençage sera réalisé au Genoscope dans le cadre du projet 'MetaSyn', accepté en 2008. Ainsi, le projet PELICAN permettra de couvrir les frais annexes, dont la préparation des échantillons pour le séquençage, les nombreuses analyses bioinformatiques, la caractérisation fonctionnelle des gènes de PBS et des études d'écologie moléculaire. Pour rendre cette énorme ressource génomique facilement exploitable par les partenaires et par la communauté scientifique, nous allons recompiler une base de données existante de groupes de gènes orthologues (Cyanorak) et re-dessiner l'interface web correspondante (http://www.sb-roscoff.fr/Phyto/cyanorak/). Alors que la base actuelle inclut 14 génomes de picocyanobactéries marines, la nouvelle base (Cyanorak2) incorporera 43 génomes (dont 31 de <i>Synechococcus</i>) ainsi que 200 régions PBS provenant du milieu</p>

	<p>naturel. La version 'restreinte' de l'interface web va nous permettre d'annoter manuellement les groupes d'orthologues. De plus, nous allons développer un système interactif de visualisation afin de comparer facilement les régions génomiques. Le projet PELICAN inclut aussi une partie post-génomique visant à caractériser quelques uns des nouveaux gènes découverts lors du séquençage massif. Nous allons effectuer des recherches systématiques de motifs au sein des séquences de protéines liées aux PBS afin de nous aider à leur assigner une fonction. Nous allons aussi utiliser des approches génétiques telles que la surexpression de gènes chez <i>E. coli</i> et déterminer la structure 3D de cibles sélectionnées. Enfin, notre projet inclut une partie sur l'écologie des types pigmentaires de <i>Synechococcus</i> dans le milieu naturel. L'information sur la variabilité génique générée dans ce projet sera mise à profit pour dessiner des amorces de PCR en temps réel fiables pour chacun des types pigmentaires, amorces qui seront ensuite utilisées pour mesurer précisément leur abondance et leur distribution dans divers environnements. Les principaux attendus scientifiques de ce projet seront i) d'obtenir des informations sur les variations de l'abondance relative des différents types pigmentaires de <i>Synechococcus</i> dans le milieu naturel le long de gradients physico-chimiques, ii) d'améliorer notre compréhension de l'évolution et des mécanismes de transfert latéral des gènes de phycobilisomes entre lignées de <i>Synechococcus</i> et iii) de découvrir de nouveaux types pigmentaires ainsi que de nouvelles phycobiliprotéines d'intérêt commercial potentiel.</p>
Partenaires	Christophe Caron - CNRS, FR 2424, 29682 Olivier Collin, INRIA, 35042
Coordinateur	Frédéric Partensky - CNRS, UMR 7144, 29682
Aide de l'ANR	461 k€
Début et durée	Janvier 2010 - 48 mois
Référence	ANR- 09-GENM-030
Label pôle	

Programme « Génomique et Biotechnologies Végétales » Axe Génomique Microbienne à Grande Echelle

Edition 2009

PROMOTHEUS	Approches génomiques pour l'analyse de la biodiversité fonctionnelle des protistes océaniques de l'expédition Tara-Oceans.
Résumé	<p>Tara-Oceans est la prochaine expédition scientifique de grande-envergure du voilier Tara : une navigation sur les eaux du globe unique en son genre, visant à mesurer les relations entre les changements climatiques et la biodiversité planctonique, et leur impact potentiel sur les sociétés humaines. Ce projet ambitieux est dirigé par une équipe internationale d'experts en océanographie, écologie, physique, microbiologie, génomique, et bioinformatique, qui s'engagent dans une exploration systémique de la complexité biologique du compartiment le plus réactif et proactif en terme de climat : le plancton de la zone photique de l'océan mondial. Le GENOSCOPE s'apprête à coordonner le volet « Genomics » de Tara-Oceans, le projet PROMETHEUS. Ce projet pilote vise à (i) établir des nouveaux protocoles standards et robustes pour une exploration quantitative et profonde de la biodiversité des espèces et gènes présents dans les communautés planctoniques ; (ii) construire une nouvelle base de données de référence pour les études en génomique des eucaryotes unicellulaires (protistes), ce qui permettra d'ancrer les metagénomomes et metatranscriptomes séquencés dans Tara-Oceans. Les principaux résultats de PROMETHEUS seront (a) une suite de méthodes publiées pour l'extraction, les protocoles moléculaires, et le séquençage massif de l'ADN et ARN eucaryotique marin, (b) une stratégie bioinformatique robuste pour l'annotation et le traitement statistique des données metatranscriptomiques et metagénomiques, ainsi que des « Tags » génétiques marqueurs de biodiversité, (c) des séquences génomiques d'une vingtaine de nouveaux protistes marins appartenant à des taxons peu étudiés mais cruciaux pour l'écologie globale. Cette première phase de mise au point des protocoles sera basée sur des échantillons en provenance d'une station-pilote de Tara-Oceans en mer Méditerranée, ainsi que sur des cultures de protistes nano- et pico-planctoniques, uniques, et maintenus au sein de la Roscoff Culture Collection. Les protocoles optimaux seront finalement validés sur des échantillons en provenance de la station pilote Tara-Oceans, afin de démontrer leur efficacité tout en mesurant l'importance de la variabilité des mesures de biodiversité génétique et spécifique des protistes océaniques en fonction des variables physico-chimique de l'océan.</p>

Partenaires	Colomban de Vargas - CNRS UMR 7144 – 29682 Chris Bowler - CNRS UMR 8186 – 75005
Coordinateur	Olivier Jaillon - CEA Genoscope-IG - UMR 8030 – 91057
Aide de l'ANR	678 k€
Début et durée	Janvier 2010 – 18 mois
Référence	ANR- 09-GENM-031
Label pôle	

Programme « Génomique et Biotechnologies Végétales » Axe Génomique Microbienne à Grande Echelle

Edition 2009

TARA-GIRUS	
Inventaire et ressources génétiques de virus géants à ADN dans les milieux marins sur Tara-Oceans	
Résumé	<p>Tara-Girus est une composante importante du projet Tara-Oceans, une expédition scientifique de 3 ans autour du globe sur le schooner Tara, qui a pour but d'évaluer l'impact des changements climatiques actuels sur la vie et la société humaine par l'étude de la composition des océans et des mers du monde d'aujourd'hui. Pour ce faire, Tara-Oceans rassemble une équipe internationale, multidisciplinaire, composée d'experts de renommée mondiale en océanographie, écologie, physique, microbiologie, génomique et bioinformatique, afin de réaliser une grande première : l'exploration à grande échelle des océans et les mers incluant la biodiversité climatiquement prépondérante de la biosphère. Tara-Oceans va collecter et archiver des échantillons marins afin de mesurer la diversité microbienne, tant au plan morphologique que génétique, sur des fractions microbiennes de différentes tailles. Tara-Oceans devra ainsi implémenter les technologies les plus avancées, notamment dans le domaine du séquençage massif à haut débit ainsi qu'en imagerie biologique. Tara-Girus est basé sur une approche scientifique simple et focalisée qui fournira à Tara-Oceans la possibilité de produire des données cruciales pour un projet ambitieux de mesure à l'échelle planétaire de la diversité génétique et d'espèces des grands virus à ADN d'eucaryotes (Girus) présents dans l'habitat marin. Bien que connus pour les dommages économiques et sociaux occasionnés sur les activités humaines, ainsi que pour leur rôle dans la destruction massive de phytoplanctons photosynthétiques, importants au plan climatiques, les virus géants de l'habitat marin ont été majoritairement ignorés en raison du biais induit par les protocoles utilisés dans l'analyse de la biodiversité microbienne marine. Nous proposons donc de réaliser la première caractérisation globale de la diversité génétique et d'espèces des <i>girus</i> marins, qui se révèlent les composants écologiquement cruciaux les moins étudiés, ceci en utilisant les technologies de pointe de séquençage actuelles. Ce projet de recherche fondamental s'il est supporté financièrement permettra de combiner trois approches expérimentales complémentaires : (i) séquençage métagénomique, non biaisé, <i>de novo</i> de l'ADN des fractions "procaryotes" contenant les <i>girus</i>. (ii) séquençage parallèle massif de gènes de <i>girus</i> amplifiés par PCR, et (iii) séquençage des nouveaux <i>girus</i> marins isolés grâce aux protocoles développés pour l'infection de cultures d'hôtes</p>

	eucaryotes pré sélectionnés. Tara-Girus, en association avec les autres projets de Tara-Oceans et notamment celui portant sur l'étude de la diversité des protistes, va ainsi produire des données biologique sur les <i>girus</i> et faire la lumière sur le lien existant entre ces virus géants et le plancton eucaryote. Couplés aux mesures physico-chimiques des paramètres de l'environnement marin ces études permettront une meilleure compréhension de l'impact des changements climatiques (tels que l'acidification des océans) sur les écosystèmes microbiens marins complexes.
Partenaires	Nigel Grimsley - CNRS UMR 7621 - 66651 Colomban de Vargas - CNRS UMR 7144 - 29682 Olivier Jaillon - CEA-IG, CNRS UMR 8030 - 91057 Gonzalez-Acinas Silvia - ICM/CSIC - E08003-Espagne
Coordinateur	Hiroyuki Ogata - CNRS, UPR 2589 – 13288
Aide de l'ANR	583 k€
Début et durée	Janvier 2010 -24 mois
Référence	ANR- 09-GENM-032
Label pôle	

Programme « Génomique et Biotechnologies Végétales »
Axe Génomique Microbienne à Grande Echelle

Edition 2009

EUMETASOL	
	Exploration du métatranscriptome eukaryote des sols –une ressource biotechnologique
Résumé	<p>Une grande diversité de microorganismes eucaryotes colonisent les sols où ils jouent des rôles essentiels notamment en tant que décomposeurs efficaces des litières végétales. Ces microorganismes sont depuis longtemps une source importante de nombreuses enzymes utilisées dans différents secteurs industriels (agroalimentaire, textile, cosmétique, pharmacie). Nous proposons d'évaluer par une nouvelle approche à haut débit la diversité des enzymes produites par des communautés de microorganismes eucaryotes colonisant des sols soumis à des contraintes physico-chimiques variées (climat tempéré versus alpin versus méditerranéen). Afin de s'affranchir de la mise en culture des microorganismes dont beaucoup sont non-cultivables, leurs ARNm polyadénylés sont extraits directement des sols et convertis en ADNc. Cet ensemble d'ADNc, qui représente le métatranscriptome de la communauté microbienne sera soumis à un pyroséquençage direct en parallèle au séquençage des ADNr 18S permettant d'estimer la diversité taxonomique des communautés étudiées. Le développement d'outils bioinformatiques spécifiques adaptés à l'analyse des données de métatranscriptomique permettra d'évaluer les sols et les communautés microbiennes qui les colonisent en termes de potentiel biotechnologique. En perspective, les environnements les plus prometteurs pourront être criblés de façon plus approfondie par clonage –séquençage des ADNc et la recherche de gènes fonctionnels par expression dans des hôtes microbiens tempérés</p>
Partenaires	Jean-Marc Bonneville - CNRS UMR 5553, 38041 Marc Buée - INRA UMR 1136, 54280
Coordinateur	Roland MARMEISSE - CNRS UMR 5557, 69622
Aide de l'ANR	425 k€
Début et durée	Janvier 2010 - 36 mois
Référence	ANR- 09-GENM-033
Label pôle	