



HAL
open science

Innovations dans le domaine de la génomique. Exemple du projet SeqOccIn.

Carole Iampietro

► **To cite this version:**

Carole Iampietro. Innovations dans le domaine de la génomique. Exemple du projet SeqOccIn.. Rencontres france futur élevage, France Futur Élevage, May 2023, Paris, France. hal-04122256

HAL Id: hal-04122256

<https://hal.inrae.fr/hal-04122256v1>

Submitted on 8 Jun 2023

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 4.0 International License

Mai 2023

2023

Innovations dans le domaine de la génomique

 France
Futur
Élevage



25 Mai 2023

La génomique au service de vos projets

Carole Iampietro

Plateforme Génomique Genotoul GeT-PlaGe

Centre INRAE de Toulouse



SeqOccln

Objectif du projet:

Utiliser la meilleure technologie pour séquencer les individus en fonction des objectifs des partenaires:

- Biodiversité des espèces et sélection
- Influence de l'environnement et de l'empreinte parentale
- Santé des élevages

Quelques chiffres:

- Durée: 4 ans (2019-2022)
- Budget: 6 M€
- 25 partenaires privés régionaux et nationaux



Porteurs



Equipes INRAE



Partenaires

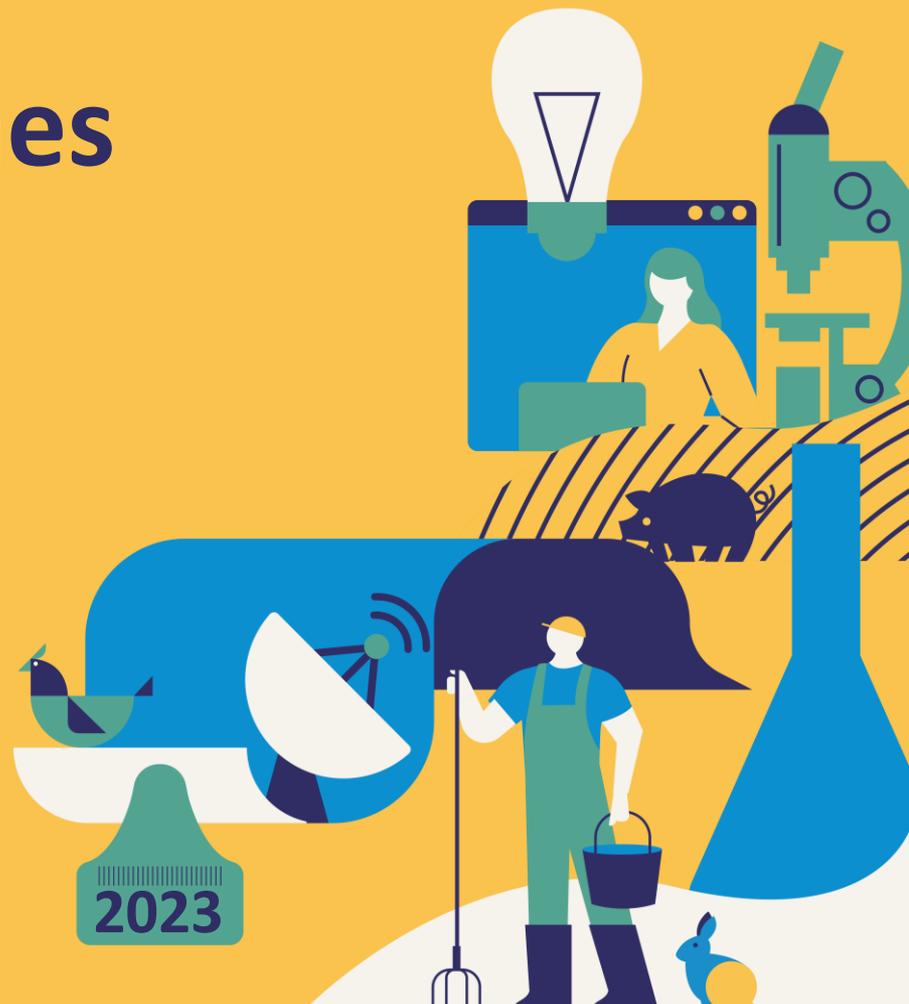


SeqOccln



L'étude des génomes

Biodiversité des espèces et
sélection



L'étude des génomes

Epreuve de validation:

- construction de génomes de référence
- recherche de variants de structures

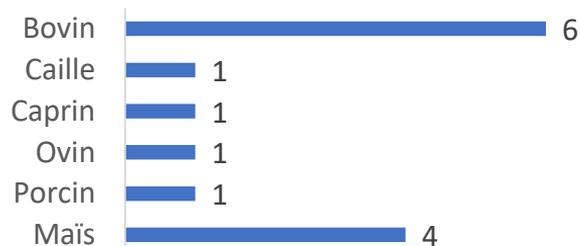
Séquençage d'un grand nombre d'échantillons:

- Assemblage
- Recherche de variants
- Détection à haut débit des SNPs

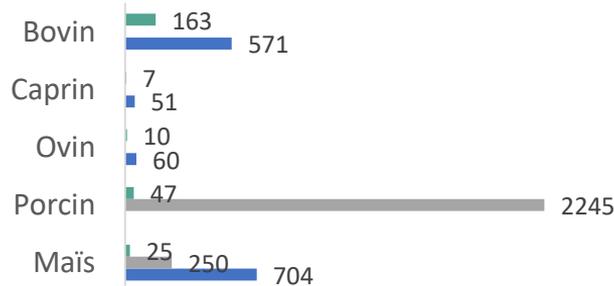
¹ **A *Bos taurus* sequencing methods benchmark for assembly, haplotyping, and variant calling**

²
³ Camille Eché^{1,*}, Carole Iampietro^{1,*}, Clément Birbes^{2,*}, Andreea Dréau^{2,6,*}, Claire Kuchly¹,
⁴ Arnaud Di Franco², Christophe Klopp², Thomas Faraut³, Sarah Djebali^{3,5}, Adrien
⁵ Castinel¹, Matthias Zytnicki⁶, Erwan Denis¹, Mekki Boussaha⁴, Cécile Grohs⁴, Didier
⁶ Boichard⁴, Christine Gaspin^{2,6}, Denis Milan^{1,3}, and Cécile Donnadieu¹

Génomes de Référence

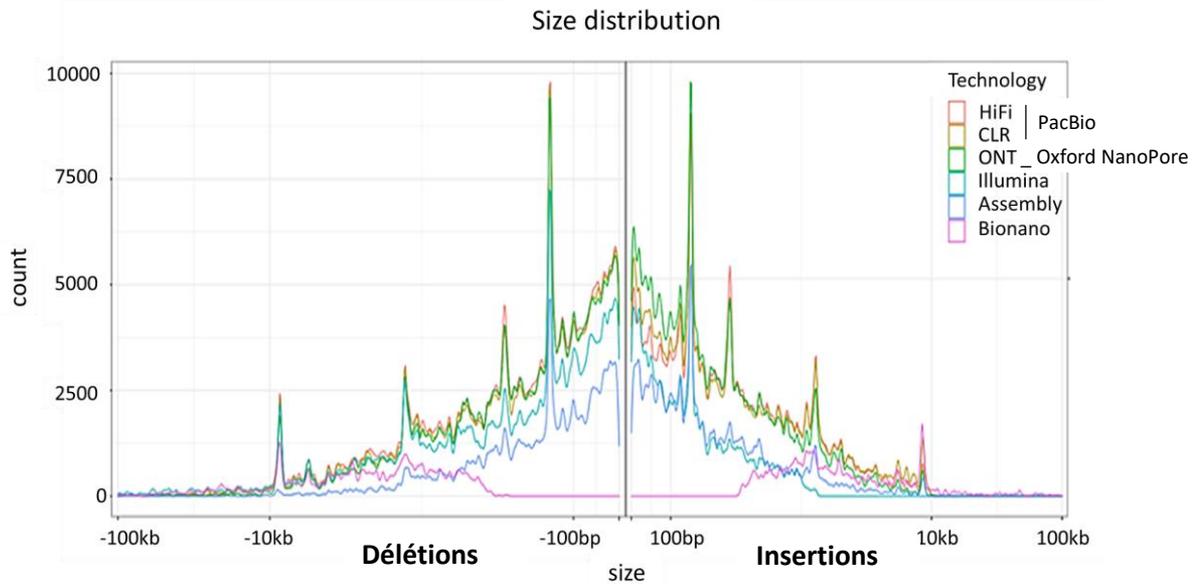


d'échantillons



■ # en LR ■ # en SR Faible couverture ■ # en SR

Détections des variants de structures



On détecte un plus grand nombre d'insertion/délétion avec les longues lectures

Recherche de nouvelles mutations chez les bovins:

séquençage du génome entier

Séquençage court fragment:

571 taureaux d'insémination artificielle séquencés (14 races).

- Détecter de nouvelles mutations/anomalies génétiques
 - Améliorer la sélection
- ⇒ **1548** nouveaux variants génomiques identifiés ayant un lien potentiel avec certains traits d'intérêts ou d'éventuelles anomalies génétiques

Séquençage long fragment:

Nous avons séquencé 150 taureaux d'insémination artificielle

⇒ Premier catalogue de grandes variations de structures

Breeds	# bulls sequenced	#new mutations
VOSGIENNE	4	8
SIMMENTAL	5	11
BRUNE	9	16
TARENTEISE	10	38
ABONDANCE	13	42
NORMANDE	64	83
MONTBELIARDE	91	129
ROUGE FLAMANDE	5	50
HOLSTEIN	147	155
BLDE D'ACQUITAINE	31	127
PARTHENAISE	4	101
CHAROLAISE	60	122
AUBRAC	40	278
LIMOUSINE	88	246

Détection des SNPs: Génotypage génome entier

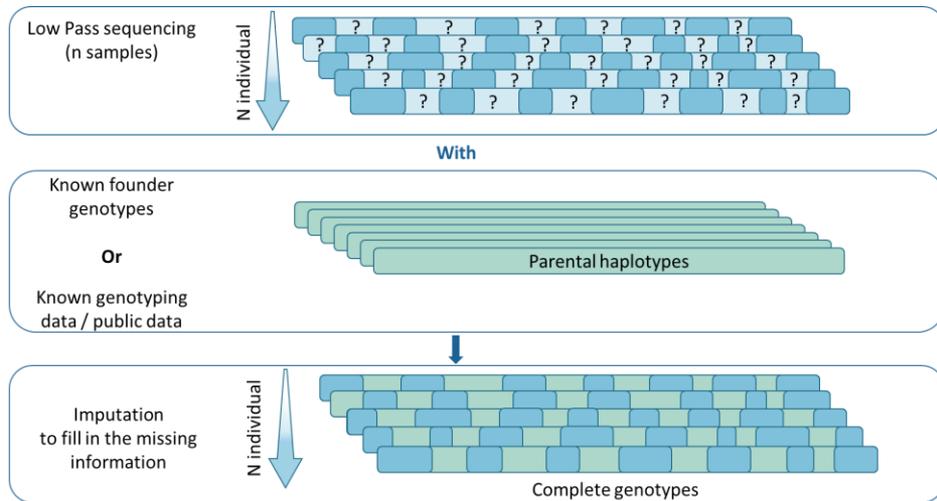
Le séquençage faible profondeur ou « **Low pass sequencing** » permet l'analyse d'un grand nombre d'échantillons à l'échelle du génome

Prérequis:

- Faible coût de préparation
- Données parentales pour l'imputation

Projet SeqOcIn:

2 200 échantillons porcins
250 échantillons maïs



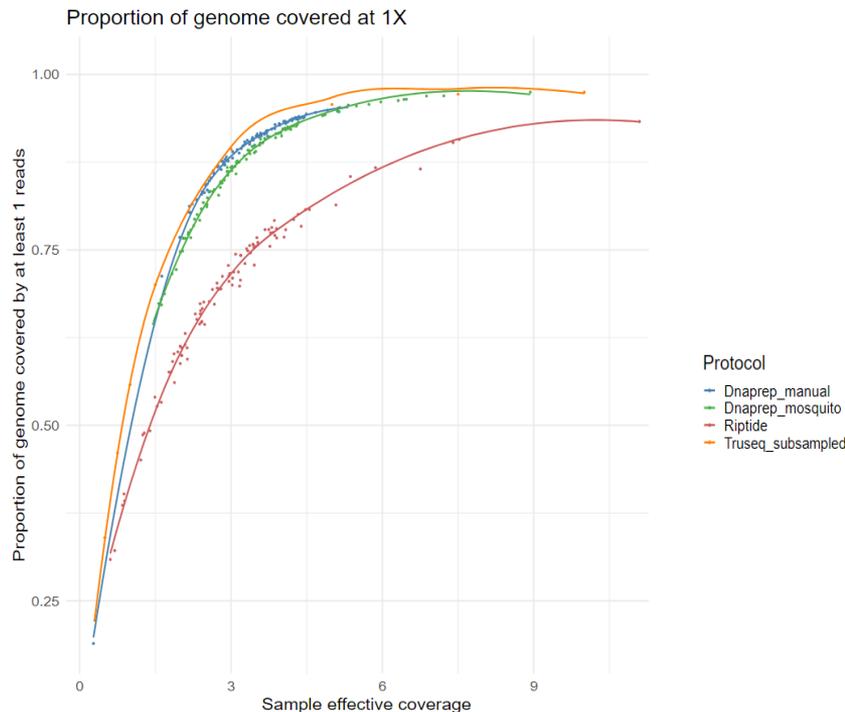
Détection des SNPs: Génotypage génome entier

Le séquençage faible profondeur ou « **Low pass sequencing** » permet l'analyse d'un grand nombre d'échantillons à l'échelle du génome

Evaluation de différents protocoles pour le lowPass:

- Faible coût
- Meilleure couverture du génome

⇒ Un protocole retenu avec réduction de volume



Détection des SNPs: Génotypage génome entier

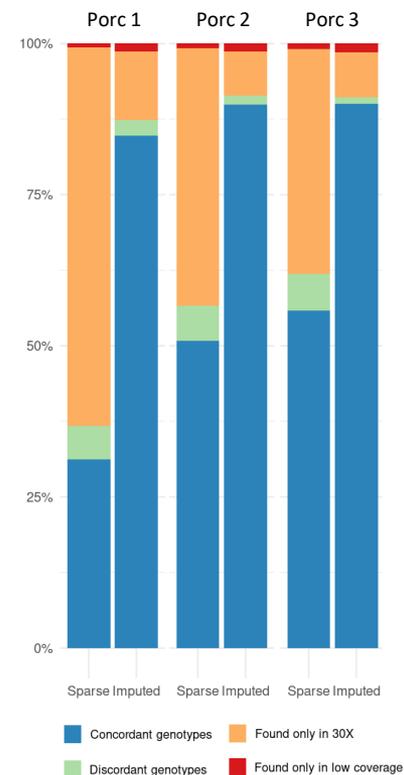
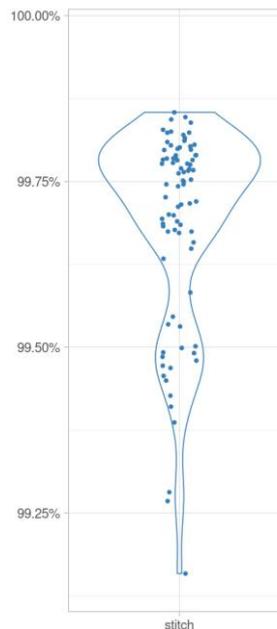
Preuve de concept avec 96 échantillons:

Validation de l'imputation

grâce aux individus séquencés à la fois en 30X et en 1X

- ⇒ 85% d'identité entre « LowPass » et 30X après imputation
- ⇒ Plus de 99,2% de concordance entre les génotypes des trios

Compatibilité mendélienne



Epigénétique

L'influence de
l'environnement et de
l'empreinte parentale chez
la caille et le porc



Epigénétique

Détection des marques de méthylation

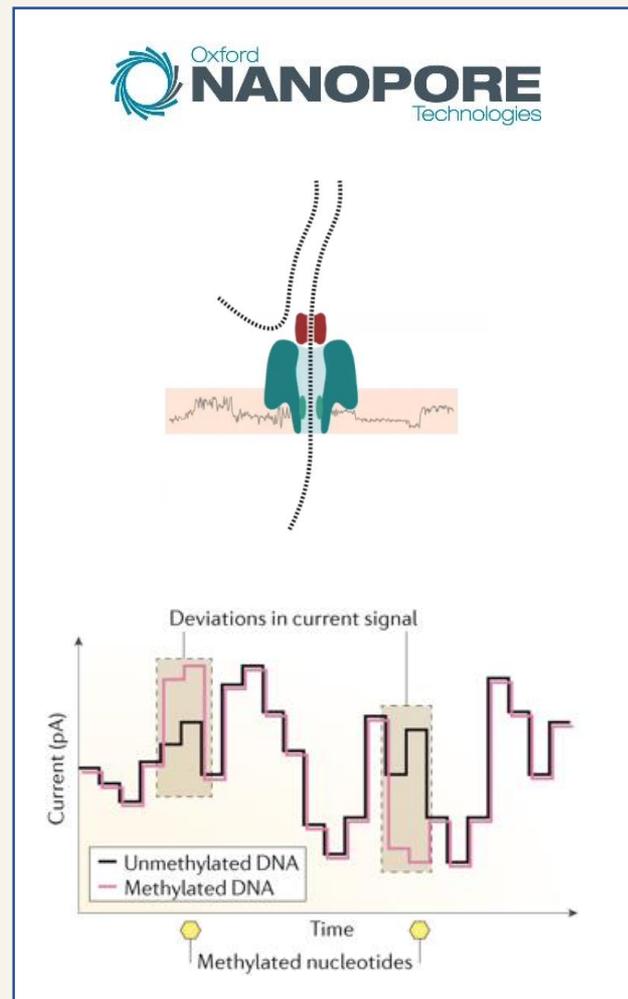
Evaluation de nouvelles méthodes de détection

et comparaison à la méthode de référence (Conversion Bisulfite) :

- Détection directe sur ADN natif : PacBio et **Oxford Nanopore (ONT)**
- Conversion enzymatique **Em-Seq**

Séquençage d'un grand nombre d'individus, après validation de la méthode :

- 195 échantillons séquencés dont
 - 36 échantillons porcins en ONT
 - 25 échantillons de caille en ONT

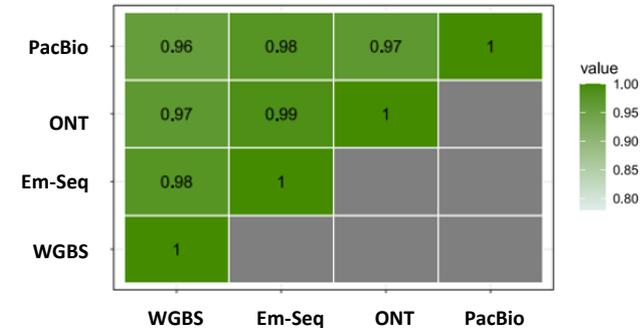


Corrélation des valeurs de méthylation entre les technologies

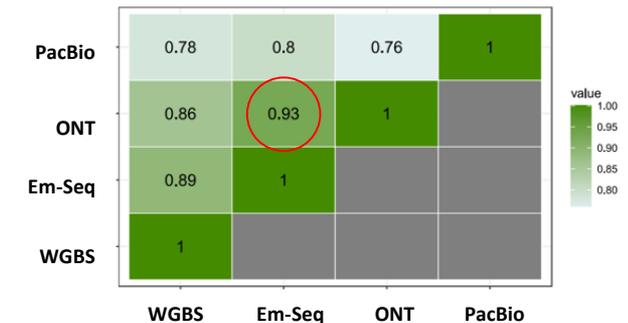
Comparaison et validation des technologies sur un échantillon de caille et un porc :

- Par rapport à la méthode de référence WGBS:
 - meilleure détection des ilots CpG avec les technologies LR (ONT et PacBio) et l'Em-Seq
- Corrélation entre les technologies:
 - $>0,9$ entre ONT et l'Em-Seq

Ilots CpG



Tous CpG



Métagénomique

Nutrition et santé des
élevages porcins

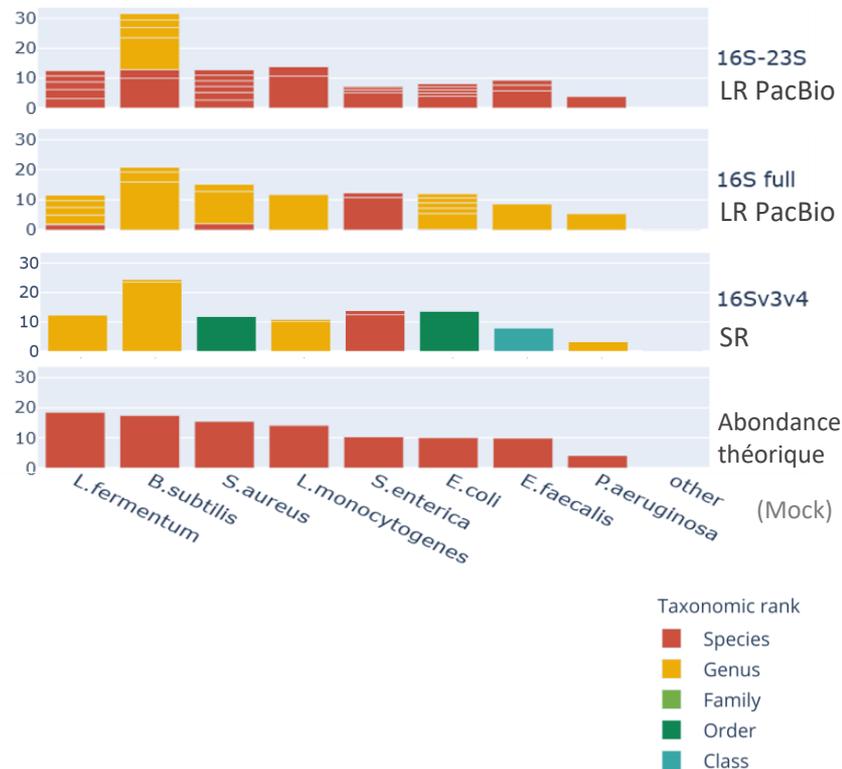


Métagénomique

Etude des microbiotes: avantage des longues lectures

- **Approche ciblée : Métabarcoding:**
 - Séquençage d'un marqueur ou barcode pour caractériser la diversité et l'abondance
 - ⇒ 16S-23S permet une affiliation à l'espèce
- **Approche Génome entier : Whole metagenome:**
 - Séquençage de l'ensemble des génomes bactériens pour leur identification
 - ⇒ assemblage des génomes le plus abondants

Affiliation taxonomique obtenues avec les différents barcodes



Nous retrouver

GeT-PlaGe:

<https://get.genotoul.fr/nos-actualites/>

get-plage.contact@genotoul.fr

 @GeT_Genotoul

 GeT-PlaGe

GeT-IT:

clemence.genthon@inrae.fr

INRAE
transfert

METYS



Save the date

**METAGENOMICS
WEBINAR**

 MAY
30

 From 2pm
• to 5pm

REGISTER HERE → 

Genotoul
PlaGe



Save The Date

Séminaire de Clôture
INRAE Castanet-Tolosan
19 et 20 Octobre 2023
Évènement hybride



SeqOcln

La plateforme de génomique GeT-PlaGe



Qui sommes nous?

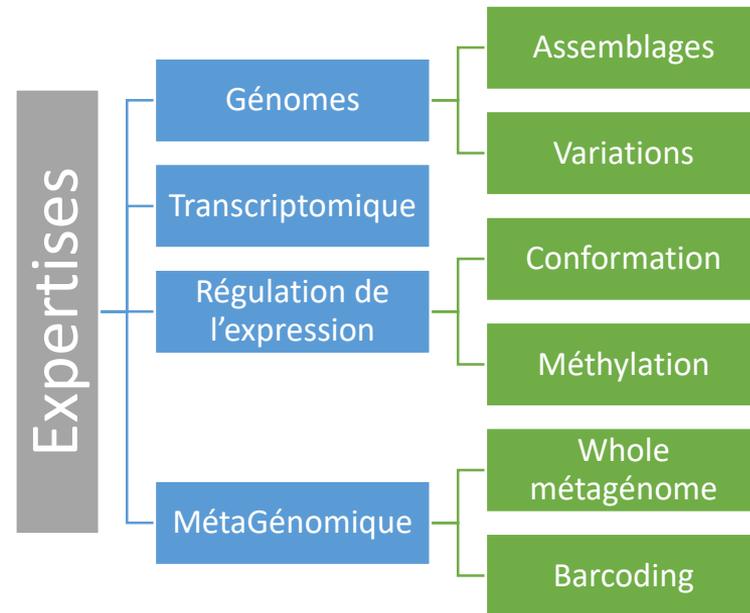


GeT-PlaGe

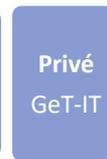
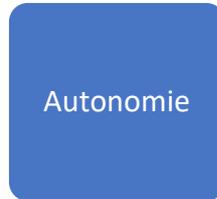
- Plateforme de séquençage INRAE créée en 2001, sur le campus INRAE de Toulouse
- Équipe de 25 personnes

Nos missions

- Fournir des services d'excellence grâce à des **technologies émergentes et innovantes en génomique**
- **Conseiller** les chercheurs grâce à notre expertise



Pour accompagner votre projet



<https://metys-inrae-transfert.fr/>

clemence.genthon@inrae.fr

Merci à tous les membres du projet !

plus spécifiquement impliqués dans les travaux présentés aujourd'hui:

Thomas Faraut
Christophe Klopp

Mekki Boussaha

Cervin Guyomar

Paul Terzian

Céline Vandecasteele

Joanna Lledo

Adrien Castinel

Jean Mainguy

Clément Birbes

Quentin Boone

Arnaud Di-Franco

Andreea Dreau

Camille Eché

Camille Marcuzzo

Amandine Suin

Gabryelle Agoutin

Géraldine Pascal

SeqOocln

Coordination

Cécile Donnadiou
Christine Gaspin
Carole Iampietro
Denis Milan

MERCI !



Webinaire
MétaGénomique

