

Génomique comparée à grande échelle de levures

<http://cbi.labri.fr/Genolevures>

CONTEXTE

Avec leurs génomes petits et compacts, les levures offrent une opportunité unique pour l'exploration de l'évolution des génomes eucaryotes par l'analyse comparative de plusieurs espèces. Génolevures est un projet de génomique comparative à grande échelle entre l'espèce de référence *Saccharomyces cerevisiae* et 14 autres levures de la classe des Hémiascomycètes. Grâce à un réseau de 11 laboratoires français et un GDR du CNRS, Génolevures séquence et annoté des génomes complets, et effectue des études spécifiques qui permettent de mieux comprendre les mécanismes de l'évolution moléculaire chez les eucaryotes.

OBJECTIFS

Génolevures En Ligne est une banque de données publique et une collection d'outils d'analyse comparative mises à disposition de la communauté internationale à travers un site web maintenu au Centre de Bio-informatique de Bordeaux. Sa vocation est de faire référence dans le domaine. En plus de la banque de données, le site comporte un espace communautaire pour la mise en valeur d'études réalisées dans les laboratoires du consortium ou par des collaborateurs internationaux.

Notre projet s'étale sur trois ans, avec dans un premier temps des travaux de maintenance évolutive de la banque de données actuelle, et dans un second temps un cycle d'amélioration des résultats expertisés et le développement de nouveaux services. L'objectif est de **consolider** et **fédérer** les activités de coopération des équipes partenaires, de faire du site le **dépôt unique national** de données sur la génomique comparée de levures et à terme d'espèces fongiques, et de **garantir l'impact international** de la recherche française en génomique comparée en proposant un site qui fait référence dans le domaine.

Sur la base de ces ressources nous et nos partenaires réalisons des **études spécifiques** visant à comprendre les mécanismes d'évolution moléculaire, l'acquisition ou la perte de fonctions et, les processus impliqués dans la naissance et la mort des gènes.

PROJET

- Maintenance évolutive de la banque de données
- Extensions d'ontologies
- Curation des résultats scientifiques
- Développement d'outils et de services
- Déploiement d'un serveur miroir hors site

RESULTATS

- Mise à disposition de quatre génomes complètement séquencés et annotés par un réseau d'experts
- Développement d'outils « levures spécifiques » pour la prédiction de gènes
- Identification de 4700 familles de protéines et caractérisation systématique des expansions, contractions, et adaptations espèces-spécifiques
- Développement d'une nouvelle base de données et d'une nouvelle interface Web avec browser de génomes, exploration de familles, comparaison de voies métaboliques ...
- Réalisation d'études sur la base des ressources développées

CALENDRIER

- 12/2003 Nouveaux outils d'annotation de génomes et calcul de familles
Curation des génomes et leurs annotations
- 07/2004 Publication dans *Nature* de quatre génomes annotés
Mise en ligne du nouveau site Web
- 12/2004 Nouveaux services (pathways, transporters)
- 07/2005 Début d'annotation de 5 nouvelles espèces

LABORATOIRES IMPLIQUES

UMR 5800 CNRS – Laboratoire Bordelais de Recherche en Informatique
GDR 2354 CNRS – Génolevures 3 (ULP Strasbourg, 11 labos au total)
Centre de Bio-informatique de Bordeaux (Bordeaux)
URA 2171 CNRS – Génétique des Génomes (Institut Pasteur)
Microbiologie et Génétique Moléculaire (Thiverval Grignon)
Génoscope – Centre National de Séquençage (Évry)

MOTS CLES

Génomique comparée, évolution moléculaire, levures hémiascomycètes, génomique fongique, séquençage et annotation, duplication de gènes, synténie, familles de protéines, tRNA.

PUBLICATIONS PRINCIPALES

- Dujon, B., Sherman, D., et al (68 auteurs). **Genome evolution in yeasts.** *Nature* 430(6995):35-44 (2004)
- Sherman, D., Durens, P., Beyne, E., Nikolski, M., Souciet, J.L. **Genolevures: comparative genomics and molecular evolution of hemiascomycetous yeasts.** *Nucl. Acids Res.* 32:D315-8 (2004)
- Durens, P., Sherman, D.J. **A systematic nomenclature of chromosomal elements for hemiascomycete yeasts.** *Yeast.* 22(5):337-342 (2005)
- Bolotin-Fukuhara, M., Casaregola, S., Aigle, M. **Genome evolution: lessons from Génolevures.** Eds: Hohmann, S., Sonnerhagen, P., Piskur, J. *Current Topics in Genetics*, Springer-Verlag, In press (2005)
- Fabre, E., Muller, H., Therizols, P., Lafontaine, I., Dujon, B., Fairhead, C. **Comparative Genomics in Hemiascomycete Yeasts: Evolution of Sex, Silencing, and Subtelomeres.** *Mol. Biol. Evol.* 22(4), pp. 856-873 (2005)
- Richard, G.F., Kerest, A., Lafontaine, I., Dujon, B. **Comparative genomics of hemiascomycete yeasts: genes involved in DNA replication, repair, and recombination.** *Mol. Biol. Evol.* 22(4):1011-23 (2005)
- Neuveglise, C., Chalvet, F., Wincker, P., Gaillardin, C., Casaregola, S. **Mutator-like element in the yeast *Yarrowia lipolytica* displays multiple alternative splicings.** *Eukaryot. Cell* 4(3):615-24 (2005)
- Lafontaine, I., Fischer, G., Talla, E., Dujon, B. **Gene relics in the genome of the yeast *Saccharomyces cerevisiae*** *Gene* 335:1-17 (2004)
- Talla, E., Anthouard, V., Bouchier, C., Frangeul, L., Dujon, B. **The complete mitochondrial genome of the yeast *Kluyveromyces thermotolerans*** *FEBS Lett.* 579(1):30-40 (2005)

SERVICES EN LIGNE



Génolevures:
Genomic Exploration of the Hemiascomycete Yeasts

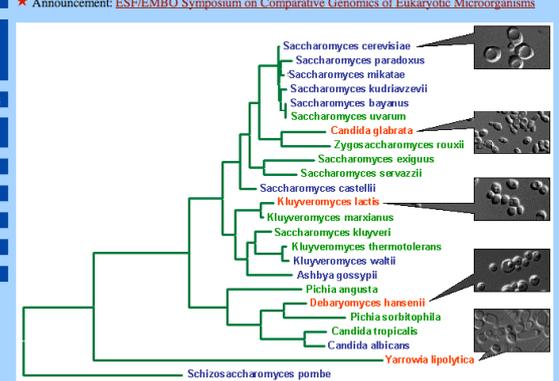
About Génolevures
The Consortium
Help
Nomenclature
★ Announcement: [ESF/EMBO Symposium on Comparative Genomics of Eukaryotic Microorganisms](#)

Search Génolevures

Protein Families
YETI - Yeast Transporters
Pathways
Blast
Download
Publications
Related links

Génolevures is a large-scale comparative genomics project across the evolutionary range of the Hemiascomycetous yeast phylum. This site provides tools and data relative to [4 complete genome sequences](#) and [10 partial genome sequences](#) determined by the Génolevures Consortium, and links to [other complete or partial yeast genome sequences](#).

★ Announcement: [ESF/EMBO Symposium on Comparative Genomics of Eukaryotic Microorganisms](#)



258 phylogeny using maximum parsimony

Interface Web pour Génolevures En Ligne : <http://cbi.labri.fr/Genolevures>.