



UMR1313

GiBBS

Animation

Xavier Rognon
Tatiana Zerjal

Thématique globale

L'équipe conduit des recherches méthodologiques en génétique, bioinformatique et biostatistique, en ancrant celles-ci dans des problématiques concrètes et des études appliquées, réalisées au sein de l'équipe ou via des collaborations.

Résultats marquants

- Organisation du Colloque "Deep Learning et Génomique"
- Regeneration Rosetta : application web « Expression de gènes et accessibilité de la chromatine » (2019)
- Diversité et progrès génétique dans les races laitières à partir des ROH (2019)

Rattachement à l'**Université Paris-Saclay**

université
PARIS-SACLAY

Rattachement à l'**école**

doctorale : ABIES
(Agriculture, Biologie,
Agriculture, Environnement,
Santé)



Membre de **SAPS**
(Sciences animales
Paris-Saclay)

Génétique animale et biologie intégrative (GABI) Equipe Génomique, Biodiversité, Bioinformatique, Statistique

Questions scientifiques

1 – Biodiversité, ressources génétiques et génétique des populations

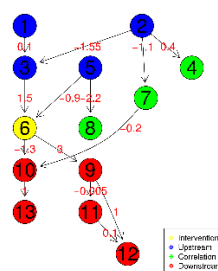
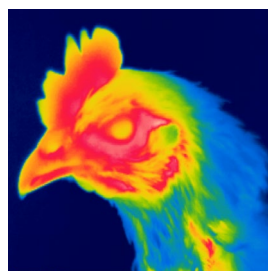
Nous couvrons l'ensemble des domaines liés à la diversité génétique et aux ressources génétiques. Nous intervenons dans la caractérisation de la diversité de différentes espèces, la valorisation et la gestion, pour les races menacées et les races à grand effectif en lien avec la sélection génomique, et les ressources cryoconservées. Enfin, nous sommes engagés dans des réseaux de coopération internationale, en lien avec la FAO.

Projets associés : GDivSelGen (Métaprogramme SELGEN) ; IMAGE & GenResBridge (Europe H2020).

2 – Biostatistique et bioinformatique

Nos activités en biostatistique et bioinformatique sont doublement orientées. D'une part, nous développons des méthodes (statistique Bayésienne, inférence de réseaux, méthodes multivariées), des logiciels et des "pipe-lines" (Variant calling, annotation, détection de SV) pour les analyse de données omiques et leur interprétation. D'autre part, nous apportons un appui et du conseil en statistique et bioinformatique pour les biologistes, à l'intérieur comme à l'extérieur de l'unité.

Projets associés : EnorPREG (ANSES) ; BioMARQ'LAIT (CASDAR) ; RECEPT (ApisGene)





UMR1313

Dispositifs de recherche :

- Bases de données nationales et données collectées sur le terrain.
- Unité expérimentale volailles (PEAT, Nouzilly).
- Réseau de Centres de ressources biologiques (CRB-CRB-Anim, projet Infrastructure).

Partenariats

- Europe : projet Image sur les infrastructures de cryopréservation ; projet GenResBridge sur les ressources génétiques des animaux, plantes et forêts
- Europe, Taiwan : Etudes de génétique et génomique des populations sur la volaille (poulet, cailles) ;
- Afrique, Inde : Etudes de génétique des populations sur des populations locales de bovins, poules, pintades ;
- USA : Biostatistique, Intégration et visualisation de données.

3 – Expérimentation animale et lignées expérimentales

L'expérimentation sur les volailles (poule, caille) est réalisée dans le cadre d'expériences de sélection de long terme sur l'efficacité alimentaire, la production d'œufs et la capacité d'adaptation. L'équipe maintient un nombre conséquent de populations de poules pour leur intérêt biologique et génétique. L'ensemble de ces populations est utilisé comme modèle dans des études de génomique fonctionnelle ou de génomique des populations.

Projets associés : ChickStress (ANR)

Expertises :

Génétique et génomique des populations ; méthodes de gestion des ressources génétiques in situ et ex situ ; expérimentation animale ; biostatistique ; analyse de données ; bio-informatique.

Publications récentes : Toutes les publications sur : <https://www6.jouy.inrae.fr/gabi>

- Doublet, A. C., et al (2019). The impact of genomic selection on genetic diversity and genetic gain in three French dairy cattle breeds. *Genetics Selection Evolution*, 51(1), 52.
- Ducrocq V., et al. (2018) Genomics for ruminants in developing countries: from principles to practice. *Front Genet*, 9.
- Flori, L., et al (2019). A genomic map of climate adaptation in Mediterranean cattle breeds. *Molecular ecology*, 28(5), 1009-1029.
- Hubert J.N., et al (2018). Cancer-and behavior-related genes are targeted by selection in the Tasmanian devil (*Sarcophilus harrisii*). *PloS one*, 13(8), e0201838.
- Leroy G. et al. (2017) Stakeholders and the management of animal genetic resources across the world. *Livestock Science* 198, 120-128.
- Li, J., et al, (2019). A missense mutation in TYRP1 causes the chocolate plumage color in chicken and alters melanosome structure. *Pigment cell & melanoma research*, 32(3), 381-390.
- Monneret G. , et al. (2017) Identification of marginal causal relationships in gene networks from observational and interventional expression data. *PLoS One.*; 12:e0171142.
- Neou, M., et al (2020). Pangenomic classification of pituitary neuroendocrine tumors. *Cancer Cell*, 37 1-12
- Rau, A., et al. (2018). Exploring drivers of gene expression in the Cancer Genome Atlas. *Bioinformatics*, 35(1), 62-68.
- Rau, A., et al. (2019). Regeneration Rosetta: An interactive web application to explore regeneration-associated gene expression and chromatin accessibility. *G3* (ahead of print)
- Thélie, A et al. (2018). Chicken semen cryopreservation and use for the restoration of rare genetic resources. *Poultry science*, 98(1), 447-455.
- Wang, S et al. (2018). Breeding policies and management of pedigree dogs in 15 national kennel clubs. *The Veterinary Journal*, 234, 130-135.
- Zerjal, T. et al. (2017). Assessment of surface temperature variation under chronic high temperature in four experimental layer chicken lines differing for heat resistance and feed efficiency traits. 10th ESPG.

