



UMR1313

GeMS

Animation

Fanny Calenge

Thématique globale

L'équipe GeMS étudie les interactions entre variations génétiques de l'hôte, microbiote intestinal et l'immunité, et leurs effets sur la santé et la robustesse du porc et du poulet. Pour y parvenir, elle couple des approches « -omiques » avec de l'immuno-phénotypage de précision et/ou à haut-débit des animaux, in vivo et in vitro

Résultats marquants

Annotation des génomes de plusieurs espèces d'animaux domestiques

Identification d'entérotypes porcins.

Publication d'un catalogue du métagénome intestinal porcine.

Rattachement à l'Université Paris-Saclay

université
PARIS-SACLAY

Rattachement à l'école doctorale : SDSV (Structure et dynamique des systèmes vivants)



Membre de SAPS
(Sciences animales
Paris-Saclay)

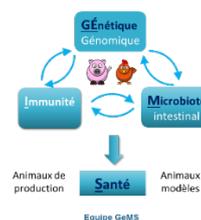
Génétique animale et biologie intégrative (GABI) Equipe Génétique, Microbiote, Santé

Questions scientifiques

1 – Le contrôle génétique de l'immunité et de l'immunocompétence
Nous étudions l'architecture génétique des caractères de santé et de bien-être du porc et de la poule, en évaluant la capacité des animaux à effectuer une réponse immunitaire efficace après infection par des pathogènes, vaccination ou bien lors du sevrage chez le porcelet. Nous étudions aussi les trade-off entre immunocompétence et caractères de production. Enfin nous menons une approche fonctionnelle sur le modèle porcine MeLiM pour comprendre l'implication de l'immunité de l'hôte dans la régression du mélanome cutané. Nous menons des approches de génétique et de génomique fonctionnelle sur de grands dispositifs expérimentaux ; nous utilisons des méthodes classiques d'immunophénotypage *ex vivo* ; et nous développons des méthodes de phénotypage *in vitro* (organoïdes, lignées cellulaires).
Projets associés : SAPHIR (Europe) ; PigletBiota (ANR) ; SalmoCar (Carnot) ; MiniSRegress (Inca)

2 – Impact du microbiote intestinal sur la santé animale

L'animal et ses microbiotes forment un organisme symbiotique appelé holobionte. Le microbiote intestinal joue un rôle central dans la santé, notamment par ses interactions avec le système immunitaire. Nos projets étudient la contribution du microbiote aux phénotypes de santé de l'hôte et le contrôle génétique de l'hôte sur le microbiote intestinal. Nous avons établi des catalogues du métagénome chez le porc et la poule afin de mener des approches de métagénomique quantitative et fonctionnelle.
Projets associés : Galmide (MP GISA) ; SalmoCar (Carnot) ; PigletBiota (ANR) ; SAPHIR (Europe).





UMR1313

Dispositifs de recherche :

- Expérimentations avec les UE GenESI (Le Magneraud ; porc) et PEAT et PFIE (Nouzilly ; poule.
- Responsabilité de l'installation expérimentale abritant les porcs pour études biomédicales, dont les porcs MeLiM, à Jouy-en-Josas.
- Production des données génomiques avec INRA @BRIDGE, Jouy-en-Josas et GeT-PlaGe, Toulouse et des données métagénomiques avec MetaGenoPolis

Partenariats

L'équipe GeMS collabore avec d'autres équipes de l'unité GABI, des unités recherches INRAE de plusieurs départements (GA, PHASE, SA, MICA) et des partenaires académiques nationaux et internationaux. Elle également des partenariats avec des acteurs industriels (sélection, alimentation animale, industrie pharmaceutique).



3 – Génomique fonctionnelle et santé

Nous menons des travaux de génomique fonctionnelle dans le contexte international de l'initiative FAANG (www.faang.org). Par des approches moléculaires multiples (organisation tridimensionnelle du génome, modifications épigénétiques et accessibilité de la chromatine, répertoire de transcrits, etc), nous cherchons à identifier les éléments régulateurs dans le génome. Nous utilisons ces connaissances approfondies du fonctionnement des génomes pour nourrir notre étude intégrative du lien entre génotype et phénotype. Par ailleurs nous développons des outils cellulaires innovants (organoïdes, cellules pluripotentes) pour faciliter la validation fonctionnelle de variants candidats par les outils d'édition de génome et de phénotypage *ex vivo*.

Projets associés : GENE-SWitCH ; Galmide ; SAPHIR ; PigletBiota, PluS4Pig, SNOOPY, CatCHI

Expertises :

Notre équipe a développé pour ses travaux une expertise en génomique fonctionnelle, métagénomique et immunophénotypage.

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

Foissac S et al. Multi-species annotation of transcriptome and chromatin structure in domesticated animals. BMC Biol. 2019 Dec 30;17(1):108.

Giuffra et al. Functional Annotation of Animal Genomes (FAANG): Current Achievements and Roadmap. Annu. Rev. Anim Biosci. 2019 Feb 15, Vol. 7.

Maroille T et al. Immunome differences between porcine ileal and jejunal Peyer's patches revealed by global transcriptome sequencing of gut-associated lymphoid tissues. Sci Rep. 2018, 8:9077

Blanc F et al. Impact of a CD4 gene haplotype on the immune response in minipigs. Immunogenetics. 2018, 70:209-222

Maroille T et al. Deciphering the genetic regulation of peripheral blood transcriptome in pigs through expression genome-wide association study and allele-specific expression analysis. BMC Genomics. 2017, 18:967

Campagne C et al. RACK1 cooperates with NRASQ61K to promote melanoma in vivo. Cell Signal. 2017, 36:255-266

Ramayo-Caldas Y et al. Phylogenetic network analysis applied to pig gut microbiota identifies an ecosystem structure linked with growth traits. ISME J. 2016, 10:2973-2977

Tuggle CK et al. GO-FAANG meeting: a Gathering On Functional Annotation of Animal Genomes. Anim Genet. 2016, 47:528-533

Xiao L et al. A reference gene catalogue of the pig gut microbiome. Nat Microbiol. 2016, 19:16161



Centre
Île-de-France - Jouy en Josas - Anthony



Domaine de Vilvert
78350 Jouy en Josas

Suivre nos actualités

<https://www6.jouy.inrae.fr/gabi>

Twitter : @UMR_GABI