



A de novo chromosome-level genome assembly of *Coregonus* sp. "Balchen": un représentant de la radiation du corégone alpin suisse.

13 mai 2020 |

Pour comprendre comment les organismes évoluent, s'adaptent à de nouveaux habitats et comment de nouvelles espèces apparaissent, il est important de pouvoir comparer les séquences d'ADN de différents individus et organismes. Dans le meilleur des cas, des ressources génétiques spécifiques aux espèces sont disponibles à cette fin.

Ceux-ci permettent ensuite d'étudier en détail les similitudes et les différences génétiques. Les génomes de référence, c'est-à-dire le code génétique complet d'un organisme, sont probablement la ressource la plus utile ici. Cependant, la création d'un tel génome de référence constitue également un défi, car de nombreux génomes sont grands et complexes.

Des études scientifiques sur les corégones d'Europe et leurs cousins d'Amérique du Nord montrent comment différentes espèces ont évolué, se sont adaptées à différents habitats, le tout sur une courte période. Pour soutenir les études génétiques sur les diverses espèces de corégones qui ont évolué au cours des 10 à 15 derniers millénaires, nous avons créé un génome de référence à partir d'un corégone suisse du lac de Thoue. Notre séquence génomique est de haute qualité et représente la séquence d'ADN complète et ordonnée de tous les chromosomes du corégone, ainsi que l'annotation du génome montrant où sont situés les gènes dans le génome. Cette séquence génomique permettra de réaliser de futurs projets visant à comprendre comment des corégones présentant des traits physiques et comportementaux différents diffèrent également sur le plan génétique et comment ces différences évoluent.

Links

Publication originale

Contact



Philine Feulner

Tel. +41 58 765 2106

philine.feulner@eawag.ch

<https://www.eawag.ch/fr/portail/dinfo/actualites/news-archives/detail-de-larchive/a-de-novo-chromosome-level-genome-assembly-of-coregonus-sp-balchen-un-representant-de-la-radiati>