

AGENDA

Pertinence:  100%

Organization of genes along genome during evolution.

The organization of genes along a genome is not random. There exists various proofs of specific rearrangements such that operon for procaryote organisms. In the goal to better understand how this organization can explain the correlation between chromosomal mutation in cancer, we studied the organization of co-functional genes on the human genome (pathways, protein complexes, RNAs, etc). Using statistics, we observed significant concentrations (or dispersions) for sets of co-functioning genes. We evaluated the organization of these sets of genes through three aspects: number of chromosomes involved, genomic distance, spatial intra-chromosomal distance. This organization seems to depend on the functional category (FunCat) of each set of genes. From this results, we start to work on the evolution of these concentrations and dispersions among various species. Moreover, in order to observe some (dis)similarities between genomes, it is necessary to define realistic models and measures. We have implemented models (based of graph theory and mathematic programming) to compute in particular common adjacencies between genomes. These models take into account increasingly biologic information despite the complexity of the studied problems.

06/11/2020

AGENDA

Pertinence:  100%

Cancer: a missing link in ecosystem functioning?

Cancer is a disease that affects the majority of metazoan species and prior to directly causing host death, is likely to influence the competitive abilities of individuals, their susceptibility to pathogens, their vulnerability to predators and their ability to disperse. Despite the potential importance of these ecological impacts, cancer is rarely incorporated into model ecosystems. In this talk, I will describe the diversity of ways in which oncogenic phenomena, from precancerous lesions to generalized metastatic cancers, may affect ecological processes that govern biotic interactions. I will argue that oncogenic phenomena, despite their complexity, have predictable ecological consequences. Our aim is to provide a new perspective on the ecological and evolutionary significance of cancer in wildlife, and to stimulate research on this topic.

06/11/2020

AGENDA

Pertinence:  100%

Stratégies de recherche actuelles en génomique cardiovasculaire

La révolution technologique que vit depuis ces 10 dernières années la recherche biomédicale permet de mettre à disposition de la communauté scientifique et médicale des outils très puissants pour appréhender de manière agnostique l'ensemble des mécanismes génétiques et épigénétiques associées aux maladies humaines, qu'elles soient fréquentes ou rares. Les premières technologies de puces à ADN ou à ARN ("micro-array") ont tout d'abord permis la réalisation des études d'association génome-entier ("GWAS") et des études transcriptomiques dont les succès sont désormais légions. Depuis 3 ans, la technologie des puces fait petit à petit place aux outils de séquençage haut-débit ("Next Generation Sequencing" ou "NGS") permettant non seulement de déterminer de manière exhaustive la variabilité génétique de l'ADN mais également, à partir d'un type cellulaire donné ou un échantillon de fluides (plasma, sérum, urine), de quantifier précisément l'ensemble des isoformes d'un gène exprimé, de détecter et de quantifier l'ensemble des ARNs non codants, mais également de mesurer le degré de méthylation de l'ADN. L'objectif de cette présentation est de présenter les grandes stratégies de recherches actuelles basées sur les différentes technologies haut-débit dans le domaine des maladies cardiovasculaires. Une attention toute particulière sera portée aux besoins en biostatistique et en bioinformatique que requièrent l'application de ces nouvelles technologies à la recherche en génétique et épigénétique.

06/11/2020
