

## Université de Liège - Groupe interdisciplinaire de génoprotéomique appliquée - Génomique animale

*Non mise à jour en 2013*

### Présentation de l'unité

Nom de l'unité :	Groupe interdisciplinaire de génoprotéomique appliquée
<b>Nom de l'équipe (des équipes)</b>	Génomique animale
<b>Nom du responsable de l'unité :</b>	Pr Michel Georges
<b>Organisme(s) de rattachement :</b>	Faculté de Médecine Vétérinaire de l'Université de Liège
<b>Adresse :</b>	1 avenue de l'Hôpital, 4000 Liège (Sart Tilman) BELGIQUE
<b>Mail :</b>	michel.georges@ulg.ac.be
<b>Tél. :</b>	+32 (0)4 366 41 50
<b>Domaine scientifique :</b>	Génétique
<b>Nombre de scientifiques (par catégorie)</b>	17 seniors et post-doctorants, 8 doctorants, 7 techniciens, 4 administratifs
<b>Mots – clés (5 max)</b>	

### **L'Unité en bref (historique, objectifs... – 10 lignes max) :**

Implanté au cœur de l'Université de Liège (Belgique), le GIGA (Groupe Interdisciplinaire de Génoprotéomique Appliquée) est un grand pôle de recherche et de développement d'activités dans le domaine des biotechnologies. L'unité de génomique animale est rattachée à l'unité de recherche thématique « Génétique » du GIGA. Cette unité est spécialisée dans l'application de méthodes de génomique de pointe au clonage positionnel de gènes contrôlant des phénotypes d'intérêt médical ou agronomique, tant monogéniques que multifactoriels. L'observation d'un mode de transmission non-Mendélien d'une hypertrophie musculaire ovine est à la base d'un programme de recherche en "épigénétique", se focalisant aujourd'hui sur la biologie des microRNAs. Des méthodes sont développées pour l'utilisation d'information moléculaire en amélioration animale, dont la sélection génomique et l'ingénierie génétique.

### **Axes de recherche de l'unité :**

- Dissection moléculaire de pathologies héréditaires
- Dissection moléculaire de caractères de production
- Dissection moléculaire de phénomènes épigénétiques
- Ingénierie transgénique d'animaux de rente

### **Principaux projets en cours (5 max) :**

#### **Thèmes et objectifs scientifiques associés :**

- Dissection moléculaire de pathologies héréditaires :

Des gènes et mutations prédisposant à des pathologies héréditaires monogéniques ou multifactorielles sont identifiés en recourant à des approches de liaison, d'association et de re-séquençage à haut débit. En parallèle, l'unité étudie le déterminisme de pathologies humaines en recourant à des modèles animaux dont la souris (ex : résistance à des infections virales) et le chien (ex : physiologie cardio-vasculaire, l'unité coordonne le projet intégré LUPA, programme cadre Européen 7).

- Dissection moléculaire de caractères de production

Des gènes et mutations influençant des caractères d'intérêt agronomique, mono- (ex : maladies héréditaires rares) ou poly-géniques (ex : production et composition du lait), sont recherchés en appliquant les mêmes approches de pointe aux animaux de rente. Des méthodes sont mises au point afin de permettre la localisation et l'élimination de tares héréditaires et l'amélioration de la sélection assistée par marqueurs (« sélection génomique »).

- Dissection moléculaire de phénomènes épigénétiques

Le clonage positionnel des déterminants géniques d'hypertrophies musculaires ovines a révélé deux instances de perturbation de régulation génique microRNA dépendante (Callipyge et Texel). Les recherches portent sur la compréhension moléculaire détaillée de ces deux modèles ovins, ainsi que l'extrapolation des résultats à d'autres

espèces y compris l'homme. L'UTG est membre du réseau d'excellence Européen « Epigénome ».

- Ingénierie transgénique d'animaux de rente

L'objectif est d'obtenir des phénotypes bénéfiques en ciblant le chromosome Y par recombinaison homologe. Plus spécifiquement, nous nous proposons (i) de générer une hypertrophie musculaire mâle-spécifique, et (ii) de développer des nouvelles stratégies de sexage de sperme. Nous développons d'abord des prototypes chez la souris et extrapolerons ensuite nos résultats chez le bovin en recourant au transfert de noyau.

#### **Opérations et/ou projets liés à chaque axe (éventuellement préciser le responsable et les participants) :**

- Dissection moléculaire de pathologies héréditaires

Ex : Projet Crohn (Genetics of inflammatory bowel disease, resp. E. Louis et M. Georges), projet LUPA (chien comme modèle animal de maladies humaines, resp. M. Georges)

- Dissection moléculaire de caractères de production

Ex : Projets de génétique équine (GENEQUIN : génétique d'affections limitant les performances équines, ostéochondrose et neuropathie laryngée récurrente, resp. M. Georges), bovine (resp. C.Charlier et W. Coppieters), porcine (resp. M. Georges), sélection génomique (resp. T. Druet)

- Dissection moléculaire de phénomènes épigénétiques

Ex : Etudes des mi-RNA / phénotype Texel, Callipyge (resp. H. Takeda et A. Van Den Broeke)

- Ingénierie transgénique d'animaux de rente

Ex : Etude de la région pseudo-autosomale et transgénèse (resp. M. Georges)

#### **Liste de publications représentatives des activités de recherche sur les 5 dernières années (max. 4) :**

- Durkin K, Coppieters W, Drögemüller C, Ahariz N, Cambisano N, Fasquelle C, Haile A, Horin P, Huang L, Karim L, Moser S, Oldenbroek K, Rieder S, Sartelet A, Solkner J, Stalhammer H, Leeb T, Georges M, Charlier C.

Serial translocation via circular intermediates underlies color-sidedness in cattle. **Nature** 482: 81-84 (2012).

- Karim L, Takeda H, Lin L, Druet T, Arias JAC, Baurain D, Cambisano N, Davis SR, Farnir F, Grisart B, Harris BL, Keehan MD, Littlejohn MD, Spelman RJ, Georges M, Coppieters W.

QTN modulating the transcription rate of the PLAG1-encompassing chromosome domain control bovine stature.

**Nature Genetics** 43: 405-413 (2011)

- Dupuis M-C, Zhang Z, Druet T, Denoix J-M, Charlier C, Lekeux P, Georges M.

Results of a haplotype-based GWAS for Recurrent Laryngeal Neuropathy in the horse. **Mammalian Genome** 22:613-620 (2011)

- Dupuis M-C, Zhang Z, Durkin K, Charlier C, Lekeux P, Georges M

Detection of Copy Number Variants in the horse genome and examination of their association with Recurrent Laryngeal Neuropathy. **Animal genetics**, in the press.

#### **Partenariats et réseaux :**

**Liste des partenariats actuels au sein de la Fondation Hippolia** (concrétisés par des conventions et/ou publications en commun)

- CIRALE – ENVA

- INRA

#### **Perspectives :**

**Projets liés à la santé équine que l'unité souhaiterait développer** (moyennant identification du partenariat et du financement) (max. 4) :

- Mise en place d'une cellule d'hérédosurveillance pour des tares génétiques (comme pour le Blanc Bleu Belge) et séquençage de l'exome d'une centaine de chevaux pour détecter les mutations délétères

- La sélection génomique pour la filière équine

- Signatures de sélection suite à la domestication des chevaux