Un outil bio-informatique pour mieux comprendre lâ€™Ã©volution des espÃ¨ces de poisson

Dossier de
 la rÃ©daction de H2o
November 2025

Des chercheurs ont crÃ©Ã© FEVER, une ressource en ligne qui combine donnÃ©es gÃ©nomiques et transcriptomiques pour explorer l'Ã©volution de l'expression des gÃ¨nes chez les poissons tÃ©lÃ©ostÃ©ens (l'un des groupes de vertÃ©brÃ©s les plus vastes et diversifiÃ©s).

Les efforts rÃ©cents de sÃ©quenÃ§age ont fourni des gÃ©nomes de haute qualitÃ© pour plusieurs centaines d'espÃ¨ces de poissons, ouvrant la voie Ã des Ã©tudes de gÃ©nomique comparative Ã grande Ã©chelle. Cependant, les donnÃ©es transcriptomiques, informations sur l'expression des gÃ¨nes, jusqu'Ã prÃ©sent produites Ã partir de divers tissus et espÃ¨ces Ã©taient hÃ©tÃ©rogÃ¨nes et n'avaient pas Ã©tÃ© associÃ©es aux nouveaux gÃ©nomes sÃ©quencÃ©s, rendant la quantification de l'expression des gÃ¨nes et les analyses comparatives particuliÃ¨rement complexes. Des ressources permettant l'intÃ©gration de telles donnÃ©es Ã©taient jusqu'alors manquantes. FEVER associe les donnÃ©es gÃ©nomiques et transcriptomiques disponibles. Cet outil permet notamment l'exploration rapide des dynamiques Ã©volutives de gÃ¨nes d'intÃ©rÃªt et de leur expression pour 13 espÃ¨ces et 11 organes. Cette ressource sera enrichie progressivement par l'ajout d'autres types de donnÃ©es et de nouvelles espÃ¨ces.

INRAE - FEVER