

Un outil bio-informatique pour mieux comprendre l'évolution des espèces de poissons

Dossier de rédaction de H2o
November 2025

Des chercheurs ont créé FEVER, une ressource en ligne qui combine données génomiques et transcriptomiques pour explorer l'évolution de l'expression des gènes chez les poissons téléostéens (l'un des groupes de vertébrés les plus vastes et diversifiés).

Les efforts récents de séquençage ont fourni des génomes de haute qualité pour plusieurs centaines d'espèces de poissons, ouvrant la voie à des études de génomique comparative à grande échelle. Cependant, les données transcriptomiques, informations sur l'expression des gènes, jusqu'à présent produites à partir de divers tissus et espèces étaient hétérogènes et n'avaient pas été associées aux nouveaux génomes séquencés, rendant la quantification de l'expression des gènes et les analyses comparatives particulièrement complexes. Des ressources permettant l'intégration de telles données étaient jusqu'alors manquantes. FEVER associe les données génomiques et transcriptomiques disponibles. Cet outil permet notamment l'exploration rapide des dynamiques évolutives de gènes d'intérêt et de leur expression pour 13 espèces et 11 organes. Cette ressource sera enrichie progressivement par l'ajout d'autres types de données et de nouvelles espèces.

INRAE - FEVER