

Comparaison de l'organisation de chromosomes

Les informations ci-dessous permettent d'établir des comparaisons entre chromosomes de différentes espèces grâce à l'utilisation de la banque de données en ligne Cinteny accessible à l'adresse :

<http://cinteny.cchmc.org/>

Le but de cet outil est de permettre une comparaison de la disposition des gènes orthologues entre les chromosomes de deux espèces. Les gènes orthologues sont des gènes homologues qui n'ont pas subi d'événement de duplication.

1. Choix des espèces à comparer

Cinteny
Server for Synteny Identification and Analysis of Genome Rearrangement

[Home](#) | [Demo NEW!](#) | [Feedback](#) | [Help](#)

Cinteny server can be used for finding regions syntenic across multiple genomes and measuring the extent of genome rearrangement using reversal distance as a measure. You may create a project and upload your own data by following the links below or work with pre-loaded data by selecting the genomes below.

Step 1 of 2: Select data source and Genomes

[HomoloGene](#) | [RoundUp](#) | [Grimm](#) | [Bacteria - RoundUp](#)

[What is this?](#)

Vertebrates <input type="checkbox"/> Human <input type="checkbox"/> Mouse <input type="checkbox"/> Rat <input type="checkbox"/> Dog <input type="checkbox"/> Cow <input type="checkbox"/> Chimpanzee <input type="checkbox"/> Zebrafish <input type="checkbox"/> Chicken	Invertebrates <input type="checkbox"/> Drosophila <input type="checkbox"/> Nematode <input type="checkbox"/> Mosquito	Plant <input type="checkbox"/> Arabidopsis <input type="checkbox"/> Rice	Fungi <input type="checkbox"/> Yeast <input type="checkbox"/> S.pombe <input type="checkbox"/> E.gossypi <input type="checkbox"/> K.lactis <input type="checkbox"/> M.grisea <input type="checkbox"/> N.crassa
---	---	---	---

[Start](#)

- **Choix des espèces**
Cocher les cases correspondant aux espèces à comparer
- **Choix des banques de données**
Au besoin il est possible de choisir une autre banque de données en cliquant sur les onglets correspondants. RoundUp possède en plus le génome du macaque Rhésus qui présente un intérêt. La banque de données Grimm ne présente que l'homme, le rat et la souris. Bacteria, comme son nom l'indique n'intéresse que les génomes de bactéries.
- **Validation**
Cliquer sur start pour lancer la comparaison des blocs de gènes homologues

2. Choix des chromosomes à comparer

Step 2 of 2: Select the type of analysis:

[What is this?](#)

Whole Genome Analysis

Genome

This query shows pair-wise comparison for all genomes selected in the previous page. Selecting a genome shows other genomes in reference to it. Note: The choice of reference genome may have a very small effect on the reversal distances due to the use of heuristics for aggregation of synteny blocks.

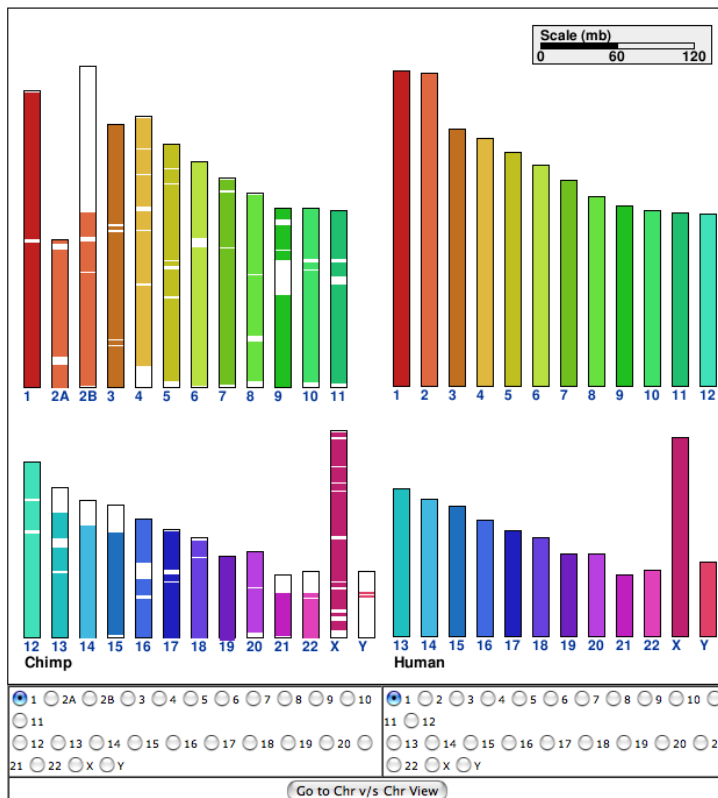
- Choisir le génome de référence

Sélectionner dans le menu déroulant l'espèce de référence pour la comparaison avec les génomes des espèces sélectionnées lors de l'étape précédente. Cliquer ensuite sur le bouton

« Submit Query »

Reversal Distances and Synteny Maps

Chimp-Human:
Number of synteny blocks: 125
Reversal Distance: 13
Breakpoint Reuse: 1.00



- Sélectionner les chromosomes à comparer

La carte synthétique correspond à une comparaison d'ensemble des correspondances entre les chromosomes des deux espèces. Les blocs de gènes identiques venant d'un chromosome et retrouvés chez un autre sont indiqués de la même couleur.

Cocher les cases des chromosomes à comparer deux à deux, puis cliquer sur le bouton « Go to Chr v/s Chr View »

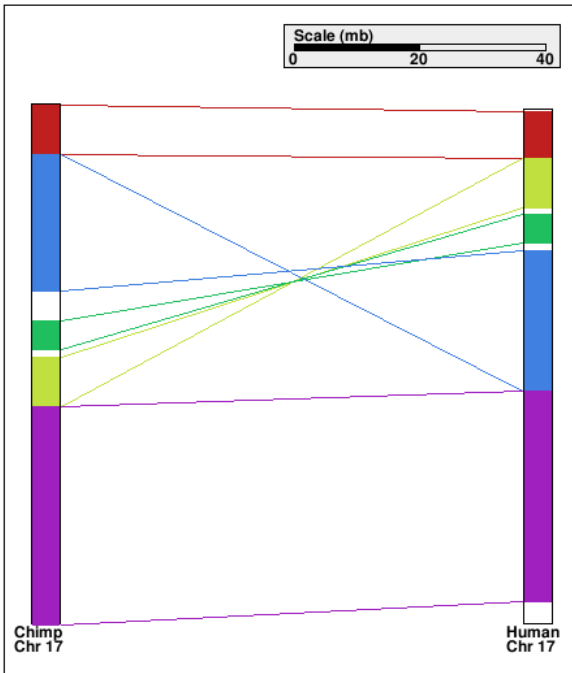
3. Paramètres de la comparaison

Chimp chr 17 - Human chr 17

Number of syntenic blocks: 5

Reversal Distance: 1

Breakpoint Reuse: 1.00



- Réglage de l'agrégation et des valeurs seuils

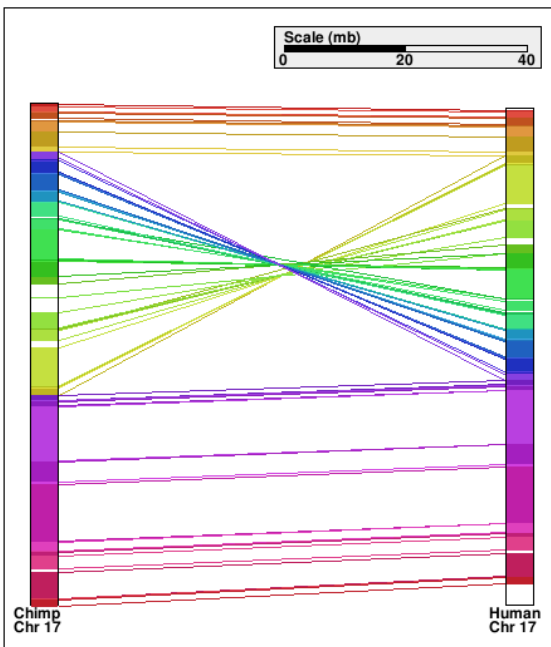
En cochant la case « no aggregation » le programme calcule les correspondances exactes entre gènes orthologues. Le résultat obtenu est alors le suivant :

Chimp chr 17 - Human chr 17

Number of syntenic blocks: 77

Reversal Distance: 55

Breakpoint Reuse: 1.83



La valeur « Number of syntenic blocks » indique le nombre total de segments communs entre les deux chromosomes. On peut voir qu'elle atteint la valeur 77, là où l'on identifiait 5 blocs en utilisant seulement les valeurs par défaut. Il est possible d'obtenir des valeurs intermédiaires en ajustant les valeurs seuils pour la séparation des blocs différents (taille minimale des blocs et distance minimale à ignorer entre blocs successifs)

