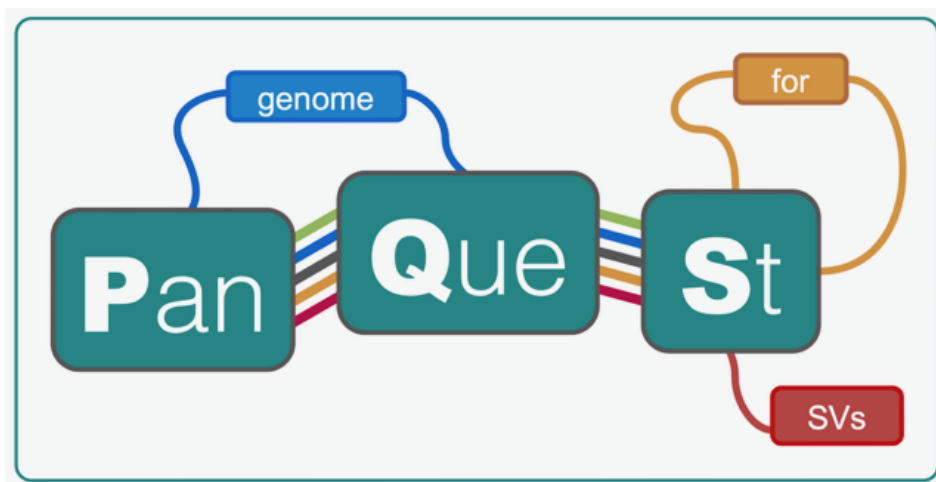


## Recherche

### Projet ANR PanQueSt



Raluca Uricaru est responsable du projet PanQueSt pour le compte d' l'université de Bordeaux, avec les partenaires suivants : Inria Rennes (responsable et porteuse principale du projet Claire Lemaitre DR Inria), l'université de Montpellier (responsable Séverine Bérard MCF), et INRAe Toulouse (responsable Benjamin Linard CR INRAe).

Il s'agit de l'étude de variations de structure dans les graphes de pangénomes.

En génomique, les variations de structure (SV), telles que les insertions, délétions, inversions ou translocations, constituent des moteurs essentiels de la diversité génétique et sont impliquées dans de nombreuses pathologies. Longtemps négligées en raison des limites des premières technologies de séquençage des génomes, elles connaissent aujourd'hui un regain d'intérêt grâce aux avancées en assemblage de génomes complets, allant désormais de télomère à télomère.

Cette évolution fait progressivement passer l'analyse génomique d'un paradigme centré sur un génome de référence unique vers celui, plus riche et plus représentatif, des pangénomes, souvent modélisés sous forme de graphes.

Cependant, ces graphes de pangénomes sont à la fois massifs et complexes. Les approches pangénomiques n'en sont encore qu'à leurs prémices et les outils actuels restent insuffisants pour exploiter tout leur potentiel, en particulier dans la caractérisation des SV. Ce projet vise à combler cette lacune en réunissant des expertises complémentaires pour développer des méthodes algorithmiques et logicielles innovantes. Nous proposerons de nouveaux algorithmes capables de détecter et de caractériser avec précision des motifs complexes associés aux différents types de SV, afin d'améliorer à la fois leur résolution et leur interprétation.

Parallèlement, nous construirons un benchmark de référence pour standardiser et comparer les approches de détection des SV, fournissant ainsi une ressource durable et largement utile à la communauté génomique. Nous développerons également des méthodes pour relier les SV

à des métadonnées génétiques ou phénotypiques, ouvrant la voie à une meilleure compréhension de l'héritabilité manquante et à la mise à l'échelle des analyses post-génomiques. Enfin, notre participation active à plusieurs projets générant des pangénomes nous garantira un accès privilégié à des cas d'étude diversifiés et concrets.

En mettant à disposition des logiciels robustes et performants, ce projet contribuera à lever des verrous scientifiques majeurs et favorisera de nouvelles découvertes dans des domaines clés tels que la santé, l'agronomie et la biodiversité.

Contacts : [Raluca Uricaru](#)