



communiqué  
de  
presse



Paris, 7 novembre 2018

## Un appel des scientifiques pour unifier les normes sur les données épigénétiques et le génome en 4D

L'étude de la structure tridimensionnelle de l'ADN et de sa dynamique révèle de nombreuses données sur l'expression génique, nous informant concrètement sur le fonctionnement des cellules, des tissus et des organes sains ou malades. Produire et gérer correctement cette grande quantité de données est à la fois un défi et une nécessité pour l'avancement de ce domaine. Dans un article de réflexion publié dans *Nature Genetics*, les plus grands spécialistes, comprenant notamment des chercheurs de l'Institut Curie et du CNRS, demandent des normes unifiées et suggèrent des lignes directrices dans ce domaine de recherche émergent et prometteur.

Tout comme une carte du monde n'est pas qu'une simple liste de lieux et de noms de rues, le génome est plus qu'une succession de lettres. Il s'agit pour l'ADN d'un véritable ballet d'interactions entre protéines et acides nucléiques qui évoluent au cours du temps. Les cellules peuvent ainsi gérer de manière sélective les informations génétiques au cours du développement et de la différenciation cellulaire ou en réponse à des aspects physiologiques et environnementaux.

Les scientifiques du monde entier développent de nouvelles technologies et progressent dans la compréhension de la dynamique de l'organisation tridimensionnelle du noyau. Cette nouvelle approche permettra aux chercheurs de cartographier les différences entre les types de cellules, d'explorer le fonctionnement réel de l'expression génique dans la santé ou les maladies et de déterminer comment les fonctions de l'ADN sont mises en œuvre, même si elles se trouvent dans un minuscule noyau.

«Le repliement du génome et sa dynamique modulent l'expression génique et les nouvelles technologies nous permettent de construire des modèles 3D pour étudier ces changements», explique **Edith Heard**. «Ces données bouleversent actuellement la recherche sur le génome et renforce notre compréhension de la complexité du noyau cellulaire», poursuit **Geneviève Almouzni**. «Il s'agit d'un domaine tout à fait prometteur et des normes semblent indispensables, car le développement rapide des méthodes et la complexité croissante des données posent de nombreuses difficultés qui doivent être résolues maintenant», souligne **Giacomo Cavalli**.

L'ensemble des auteurs d'un article de réflexion publié dans le numéro actuel de *Nature Genetics*, tous engagés dans le domaine de la dynamique de l'organisation du génome demandent des normes sur les données épigénétiques et le génome en 4D. Ils y décrivent les principaux défis rencontrés dans ce domaine et proposent des lignes directrices pour réfléchir à des stratégies de validation partagée et normalisée des données et modèles de nucléome en 4D (3 dimensions spatiales ainsi que le temps).

Ce document est issu de leur expérience dans la 4DNucleome Initiative dans le cadre de la préparation d'un futur FET-Flagship en Europe, LifeTime Initiative, en vue de comprendre le fonctionnement des génomes dans les cellules et la manière dont ces dernières forment les tissus et modifient de manière dynamique leurs activités lorsque les tissus progressent vers la maladie.

Avec cette demande de normes, les experts internationaux des laboratoires Dynamique du noyau (Institut Curie/CNRS) et Génétique et biologie du développement (Institut Curie/CNRS/Inserm) à Paris, du MRC Institute of Genetics and Molecular Medicine de l'Université d'Édimbourg, du Centre de Biologie Intégrative (CNRS/Université Toulouse III – Paul Sabatier), de l'Institut de Génétique Humaine (CNRS/Université de Montpellier), du Babraham Institute de Cambridge, de la Florida State University en Floride (États-Unis), du Friedrich Miescher Institute for Biomedical Research de Bâle, de l'Université de Naples, du Berlin Institute of Health, du Centre de biochimie structurale (CNRS/Université de Montpellier/Inserm), de l'Institute for Research in Biomedicine, du Max Delbrück Center for Molecular Medicine à Berlin, de l'Institute of Epigenetics and Stem Cells Helmholtz Zentrum Muenchen à Munich et du Centro Nacional de Análisis Genómico du Centre for Genomic Regulation (CNAG-CRG) de Barcelone souhaitent s'assurer que les informations sont correctement caractérisées, validées et partagées et que les ressources sont utilisées efficacement.

\*\*\*\*\*

### **À propos des initiatives 4DNucleome et LifeTime**

La 4DNucleome Initiative vise à déchiffrer à tous les niveaux les relations structure-fonction du noyau des cellules en tant que système biologique complexe, depuis les molécules jusqu'aux paysages génomiques et épigénomiques complets, alors que les cellules répondent et s'adaptent aux changements environnementaux ainsi qu'aux changements survenant lors du développement, de la reprogrammation cellulaire et du vieillissement. Cette Initiative est l'un des piliers de LifeTime Initiative.

LifeTime Initiative vise à créer un futur FET-Flagship en Europe pour comprendre le fonctionnement des génomes dans les cellules et la manière dont ces dernières forment les tissus et modifient de manière dynamique leurs activités lorsque les tissus progressent vers la maladie.

**Référence :** MA. Marti-Renom et al. 4D Nucleome: challenges and guidelines towards data and model standards. *Nature Genetics* **50**, pages 1352–1358 (2018). DOI : [10.1038/s41588-018-0236-3](https://doi.org/10.1038/s41588-018-0236-3)

### **Contacts chercheur**

**Geneviève Almouzni**, chercheuse CNRS, UMR3664 Institut Curie, CNRS, PSL – Université de recherche Paris Sciences et Lettres, coordinateur de LifeTime. [almouzni@curie.fr](mailto:almouzni@curie.fr)

### **Contacts presse**

Catherine Goupillon, Institut Curie, Service presse +33 1 56 24 55 23 [service.presse@curie.fr](mailto:service.presse@curie.fr)

Véronique Etienne, CNRS, Service presse +33 1 44 96 51 37 [veronique.etienne@cnr.fr](mailto:veronique.etienne@cnr.fr)