OveDB : A database integrating experimental and computational data of Corynebacterium pseudotuberculosis

Corynebacterium pseudotuberculosis est une bactérie pathogène qui cause plusieurs maladies chroniques infectieuses et contagieuses dans un large spectre d'hôtes. Ce pathogène infect principalement deux type de biovars: ovis, les petits ruminants comme les ovins et caprins, et le biovar equi : les équidés, les bovins, les camélidés et les bubalines. L’infection provoqué par C. pseudotuberculosis peut conduire à la morte du animal ou à la réduction de la production de laine, dans les ovins et caprins, et la production de lait et viande dans les équidés et les bovins. Par conséquent, les pertes économiques pour l'industrie agricole sont assez importantes et à ces jours, il n'existe pas de vaccin efficace contre ces maladies.

Les génomes complets de 42 souches de C. pseudotuberculosis, isolées sur différents hôtes et pays, sont à ce jour disponibles. Ces génomes peuvent être analyser pour : i) comprendre les différences entre les bactéries qui provoque des maladie chez les différents biovars : ovis et equi ; ii) Identifier des gènes orthologues et spécifique de chaque espèce ; iii) retrouver les gènes présent dans de voie métaboliques associé à la maladie, etc. Récemment, une comparaison génomique, de 15 souches de C. pseudotuberculosis, a été réalisée [Soares et, al]. Cependant, les données expérimentale et computationnelles de cet étude n’ont pas été rassemblé et aucune base de donnée a été crée. Nous proposons dans ce projet, d’abord élargir l’analyse réaliser dans [Soares et, al] et considérer les génomes de 42 souches disponibles. Et construire une base de donnée pour rassembler toutes les informations soit expérimental ou computationnelle de C. pseudotuberculosis. Nous effectuerons aussi une analyse originale sur les domaines fonctionnels de ces bactéries qui n’était pas réalisé dans [Soares et, al].

Reference :

Soares, S. C., Silva, A., Trost, E., Blom, J., Ramos, R., Carneiro, A., ... & Barbosa, E. G. (2013). The pan-genome of the animal pathogen Corynebacterium pseudotuberculosis reveals differences in genome plasticity between the biovar ovis and equi strains. *PLoS One*, *8*(1), e53818.