

## **Genome Alert!**

The honey bee genome sequencing project is nearing completion and *Apidologie* readers are encouraged to use the information it has generated to help answer applied and fundamental research questions for honey bees and other social bees. A 7X draft sequence has been produced and assembled by the Baylor College of Medicine Human Genome Sequencing Center (HGSC), with funding primarily from the National Institutes of Health National Human Genome Research Institute (NHGRI) and the United States Department of Agriculture. The genome sequence is being analyzed by a large international consortium of bee scientists and experts in comparative genomics. A large amount of data is currently available to the scientific community and we anticipate the publication of a major paper describing and analyzing the honey bee genome sequence in the second quarter of 2006. This paper will be joined by a collection of companion papers highlighting key insights into bee biology generated from genome analysis. The annotated genome sequence and related resources can be found at the BeeBase website, directed by Prof. Chris Elsie, Texas A&M University, USA, and currently at <http://racerx00.tamu.edu/cgi-bin/cmap/viewer>. A new web portal for scientific literature on honey bees and allied disciplines and a database for microarray studies is being established at <http://www.beespace.uiuc.edu/>, co-directed by Profs. Bruce Schatz and Gene Robinson, University of Illinois at Urbana-Champaign, USA. The White Paper submitted to NHGRI that outlines the honey bee genome project and the expected discoveries in agriculture, medicine, and other fields is posted at [www.genome.gov/Pages/Research/Sequencing/SeqProposals/HoneyBee\\_Genome.pdf](http://www.genome.gov/Pages/Research/Sequencing/SeqProposals/HoneyBee_Genome.pdf). Planning for Phase 2 of the Honey Bee Genome Project is now underway, funded by a recent award from NHGRI to enhance the current assembly and increase and improve the gene models.

Jay D. Evans, Ryszard Maleszka, Hugh M. Robertson, Gene E. Robinson, Daniel B. Weaver,  
Steering Committee for the *Honey Bee Genome Sequencing Consortium*

## **Hinweis auf das Genomsequenzierungsprojekt der Honigbiene**

Das Projekt zur kompletten Sequenzierung des Genoms der Honigbiene geht seinem Abschluss entgegen. Wir wollen hiermit die Leser von *Apidologie* dazu anregen, die nun verfügbaren Informationen zu nutzen, die dazu dienen können, Fragen zur angewandten und Grundlagenforschung über Honigbienen und andere soziale Bienen zu beantworten. Die gegenwärtige Genomsequenz, die das Genom der Honigbienen siebenfach abdeckt, wurde vom Baylor College of Medicine Human Genome Sequencing Center (HGSC) produziert und montiert. Finanziert wurde das Projekt primär durch das National Institutes of Health National Human Genome Research Institute (NHGRI) und das United States Department of Agriculture. Die Genomsequenz wird derzeit von einem grossen internationalen Konsortium aus Bienenwissenschaftlern und Experten in vergleichender Genomik analysiert. Eine grosse Datenmenge ist bereits für alle interessierten Wissenschaftler verfügbar, und wir planen für die zweite Hälfte von 2006 die Veröffentlichung eines umfassenden wissenschaftlichen Artikels, der die wichtigsten Befunde zur Genomsequenz der Honigbiene beschreibt und analysiert. Zeitgleich mit dieser Hauptpublikation soll eine Sammlung von Begleitartikeln veröffentlicht werden, in denen einzelne Wissenschaftler wichtige Einsichten in die Biologie der Honigbiene aus der Genom-Perspektive beleuchten. Die annotierte Genomsequenz und damit verbundene Ressourcen sind über die von Prof. Chris Elsie, Texas A&M University, USA, erstellte und verwaltete BeeBase-Homepage zugänglich: <http://racerx00.tamu.edu/cgi-bin/cmap/viewer>. Eine neue Homepage, die auch wissenschaftliche Literatur über Honigbienen

und verwandte Gebiete, sowie eine Datenbasis für Microarray-Studien beinhalten soll, wird derzeit erstellt (<http://www.beespace.uiuc.edu/>). Diese wird von Prof. Bruce Schatz und Prof. Gene Robinson, University of Illinois at Urbana-Champaign, USA verwaltet. Das *White Paper*, das zum Projektantrag bei NHGRI eingereicht wurde, erläutert das Honigbienen-Genomprojekt und streicht daraus zu erwartende Einsichten in Bezug auf Landwirtschaft, Medizin und andere Gebiete heraus: [www.genome.gov/Pages/Research/Sequencing/SeqProposals/HoneyBee\\_Genome.pdf](http://www.genome.gov/Pages/Research/Sequencing/SeqProposals/HoneyBee_Genome.pdf).

Die Planung für Phase 2 des Honigbienen-Genomprojekts ist bereits auf dem Weg. Sie wird durch einen vor kurzem bewilligten NHGRI-Antrag finanziert und hat zum Ziel, die gegenwärtige Montage des Genoms zu erweitern und die Modelle zur Genstruktur zu verbessern.

Jay D. Evans, Ryszard Maleszka, Hugh M. Robertson, Gene E. Robinson, Daniel B. Weaver, Steuerungskomitee für das *Honey Bee Genome Sequencing Consortium*

## **Du nouveau concernant le génome de l'Abeille**

Le projet de séquençage du génome de l'Abeille touche à sa fin. Cette note a pour but d'inciter les lecteurs d'*Apidologie* à utiliser les informations déjà disponibles qui peuvent aider à donner une réponse aux questions de recherche fondamentale et appliquée concernant les abeilles du genre *Apis* et les autres abeilles sociales. La séquence génomique actuelle, correspondant à sept équivalent-génome de l'Abeille, a été produite et assemblée par le Centre de Séquençage du Génome Humain du Baylor College of Medicine (HGSC). Le financement a été fourni principalement par l'Institut National de Recherche sur le Génome Humain (NHGRI) et par le Département de l'Agriculture des États-Unis (USDA). La séquence génomique est en cours d'analyse par un large consortium international de scientifiques de l'Abeille et d'experts en génomique comparée. Une grande quantité de données est d'ors et déjà disponible pour la communauté scientifique intéressée et nous prévoyons dans le deuxième trimestre de 2006 la publication d'un vaste article qui décrira et analysera les principaux résultats du séquençage du génome de l'Abeille. Cet article sera accompagné d'un ensemble d'articles éclairant les principales perspectives pour la biologie de l'Abeille issues de l'analyse du génome. La séquence génomique annotée et les sources s'y référant est disponible sur le site web BeeBase, dirigé par le Prof. Chris Elisk de l'Université A & M du Texas, USA : <http://racerx00.tamu.edu/cgi-bin/cmap/viewer>. Un nouveau portail web, co-dirigé par les Profs. Bruce Schatz et Gene Robinson de l'Université d'Illinois à Urbana-Champaign, est en cours de réalisation à <http://www.beespace.uiuc.edu/>; il comprendra la littérature scientifique sur les abeilles et les disciplines connexes ainsi qu'une base de données pour les études utilisant les puces à ADN. Le Livre Blanc soumis au NHGRI expose les grandes lignes du projet de séquençage du génome de l'Abeille et les découvertes escomptées en agriculture, en médecine et dans d'autres domaines : [www.genome.gov/Pages/Research/Sequencing/SeqProposals/HoneyBee\\_Genome.pdf](http://www.genome.gov/Pages/Research/Sequencing/SeqProposals/HoneyBee_Genome.pdf). La planification de la Phase 2 du projet est en cours. Elle est financée par une bourse récemment octroyée par le NHGRI afin d'étendre l'assemblage actuel du génome et d'améliorer les modèles de structure du gène.

Jay D. Evans, Ryszard Maleszka, Hugh M. Robertson, Gene E. Robinson, Daniel B. Weaver, Comité de Pilotage du *Honey Bee Genome Sequencing Consortium*