



HAL
open science

Construction et Analyse de Réseaux de Gènes Contextuels dans le Domaine Végétal

Marc Legeay, Béatrice Duval, Jean-Pierre Renou, Julie Bourbeillon

► **To cite this version:**

Marc Legeay, Béatrice Duval, Jean-Pierre Renou, Julie Bourbeillon. Construction et Analyse de Réseaux de Gènes Contextuels dans le Domaine Végétal. JOBIM2015, Jul 2015, Clermont-Ferrand, France. . hal-01226298

HAL Id: hal-01226298

<https://institut-agro-rennes-angers.hal.science/hal-01226298v1>

Submitted on 9 Nov 2015

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Construction et Analyse de Réseaux de Gènes Contextuels dans le Domaine Végétal

Marc LEGEAY^{1,2} Béatrice DUVAL¹ Jean-Pierre RENOU² Julie BOURBEILLON²

¹LERIA - Université d'Angers - UNAM,

2 boulevard Lavoisier, 49045 Angers, Cedex 01, France

²INSTITUT DE RECHERCHE EN HORTICULTURE ET SEMENCES (IRHS),
UMR1345 INRA-Université d'Angers-AgroCampus Ouest, Centre Angers-Nantes,
42 rue Georges Morel - BP 60057, 49071, Beaucouzé, Cedex, France

Problématique

Un des problèmes actuels en bioinformatique est de comprendre les mécanismes de régulation au sein d'une cellule. Notre travail concerne l'étude des réseaux de gènes, avec la particularité d'y intégrer les acteurs encore mal connus que sont les *ARN anti-sens*. Plusieurs études pointent l'importance de la régulation par les anti-sens dans les phénomènes de réponses aux stress. Pour étudier l'impact des anti-sens dans les réseaux de gènes, nous étudions leur comportement dans deux contextes expérimentaux d'un processus biologique de stress.

Données

Nous travaillons sur des données transcriptomiques issues de pommiers, grâce à la puce à ADN AryANE version 1. La puce est constituée de 126 022 sondes, avec autant de sondes sens que de sondes anti-sens. Nous étudions le processus de la maturation du fruit décrit par deux conditions : la récolte (H), et 60 jours après la récolte (60DAH). Chaque condition est formée de 22 échantillons de fruit, à chaque échantillon de H correspond un échantillon de 60DAH.

Méthodologie

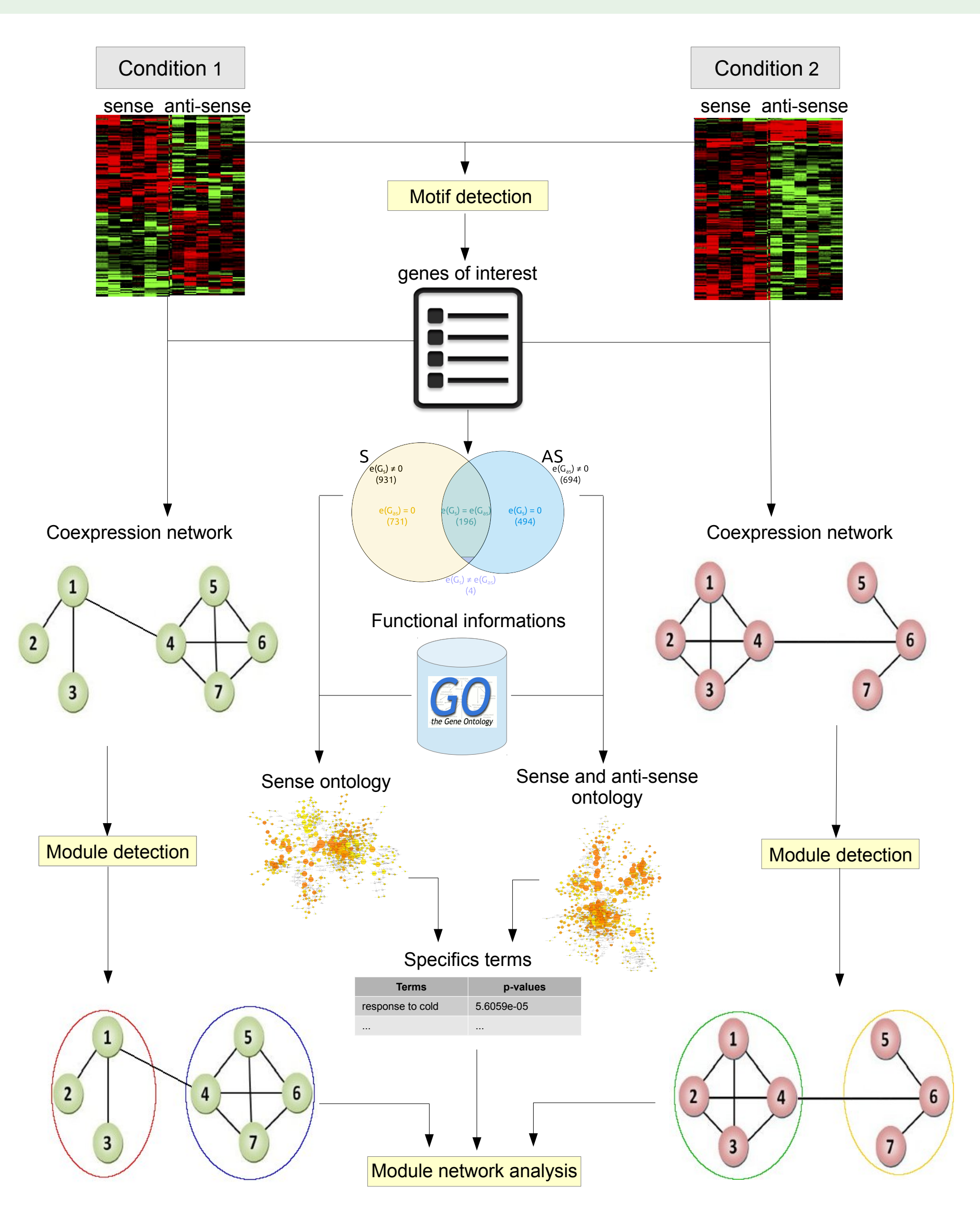


FIGURE 1: Schéma de la méthodologie.

Gènes d'intérêt

Un gènes sens ou anti-sens est un gène d'intérêt si la différence du niveau d'expression entre les deux conditions excède 1 log.

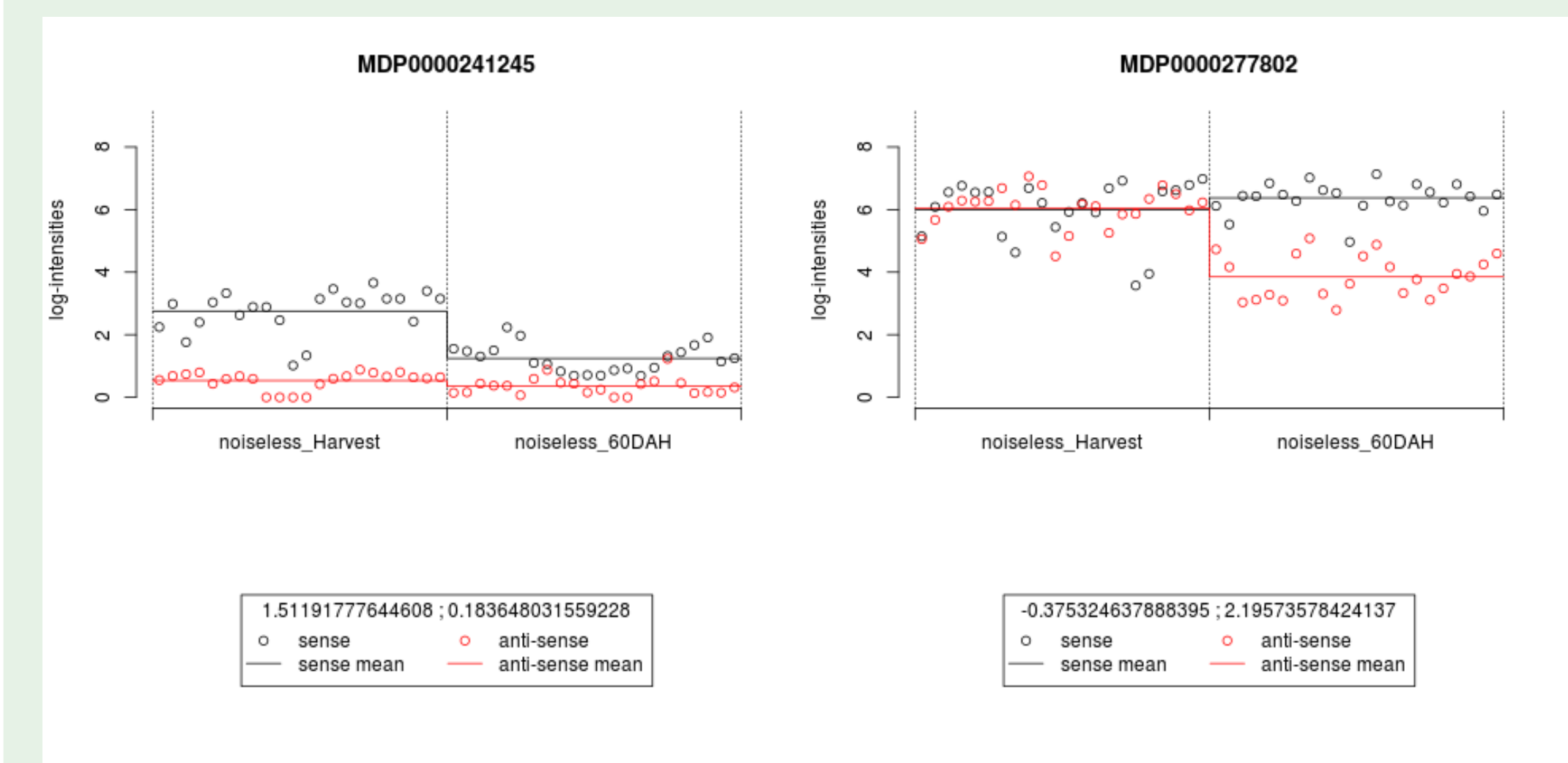


FIGURE 2: Profils d'expression de deux gènes d'intérêt.

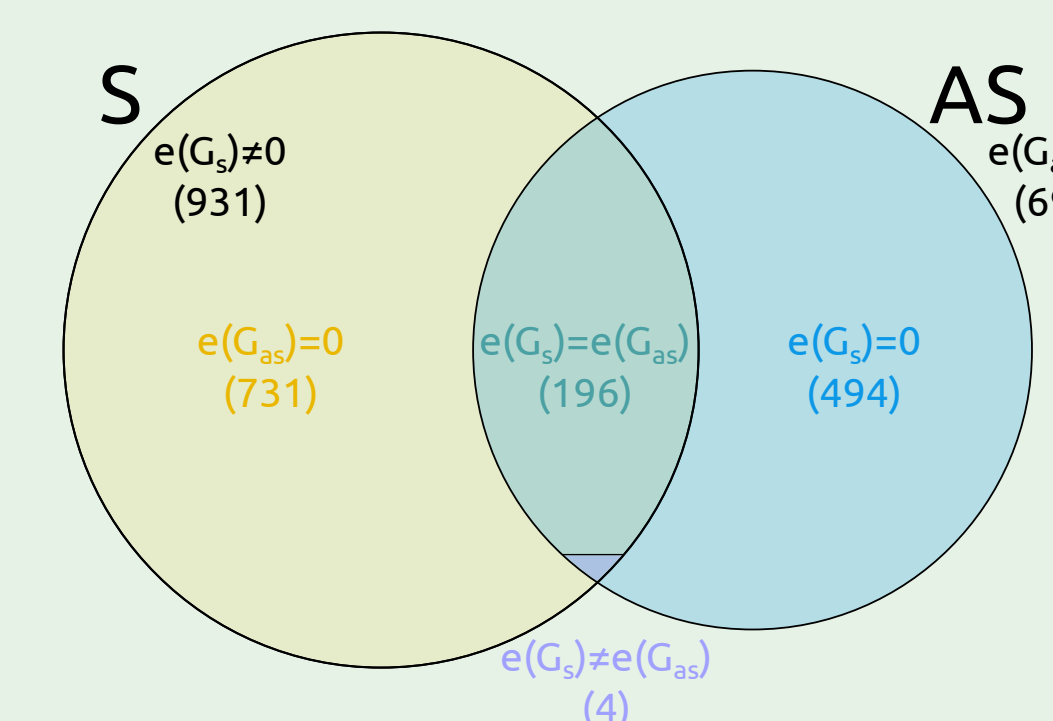


FIGURE 3: Répartition des gènes d'intérêt.

Quelles fonctions aurait-on manquées sans les anti-sens ? — Apport des données anti-sens — Étude fonctionnelle

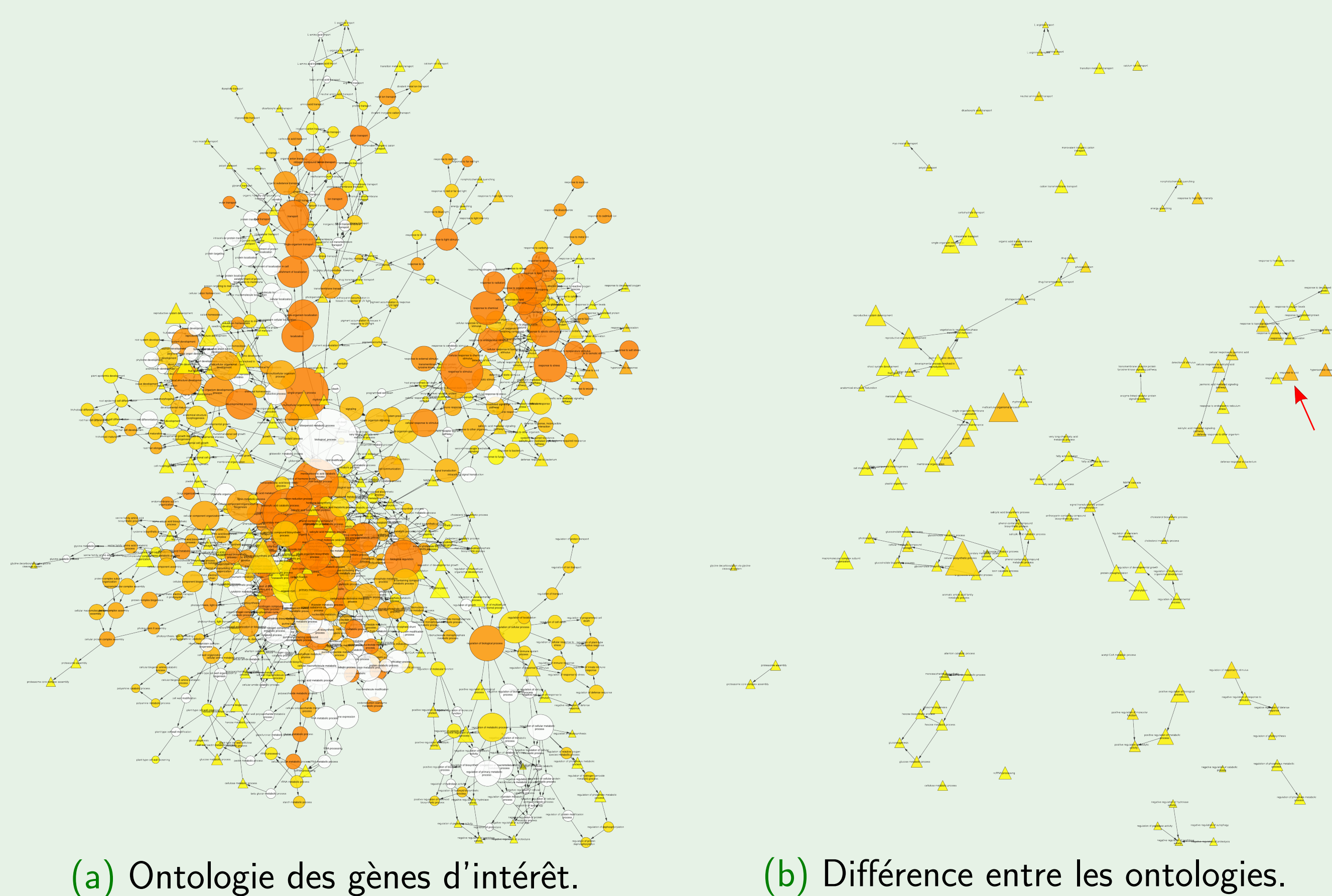


FIGURE 4: Représentation des termes de l'ontologie significativement représentés.

Afin d'étudier l'impact des anti-sens, nous comparons les termes ontologiques associés aux gènes sens différentiellement exprimés (l'ensemble **S** de la Figure 3) à ceux des gènes sens et anti-sens différentiellement exprimés (l'union des ensembles **S** et **AS**). Nous utilisons l'App BiNGO de Cytoscape. BiNGO détermine l'ensemble des termes d'une ontologie significativement représentés dans un ensemble de gènes et les représente sous forme de graphe. En effectuant la différence entre le graphe sens/anti-sens (Figure 4a) avec le graphe sens, nous obtenons les termes spécifiques au graphe sens/anti-sens (Figure 4b). Ces termes permettent de mettre en lumière des fonctions qui n'auraient pas pu être observées sans l'information sur les anti-sens. Notamment, on peut observer ici le terme « réponse au froid » (flèche rouge sur la Figure 4b) qui n'apparaît dans cette étude d'enrichissement fonctionnel que si l'on considère les données sens et anti-sens. De plus, on constate que dans le groupe de gènes associé à cette fonction, le niveau d'expression des sens est constant entre les deux conditions alors que le niveau d'expression des anti-sens diminue. Ce qui témoigne d'une régulation par les anti-sens.

Analyse des réseaux

La construction et l'analyse de réseaux que nous développons sont inspirées de la méthode WGCNA et adaptées pour prendre en compte l'action des anti-sens (score d'activité des anti-sens au sein d'un module notamment). Les fonctions mises en évidence par la différence des ontologies sont visées par l'analyse des modules. L'objectif est d'identifier, dans les conditions expérimentales qui sont comparées, quelles fonctions biologiques et quelles régulations sont impactées par l'expression des anti-sens.