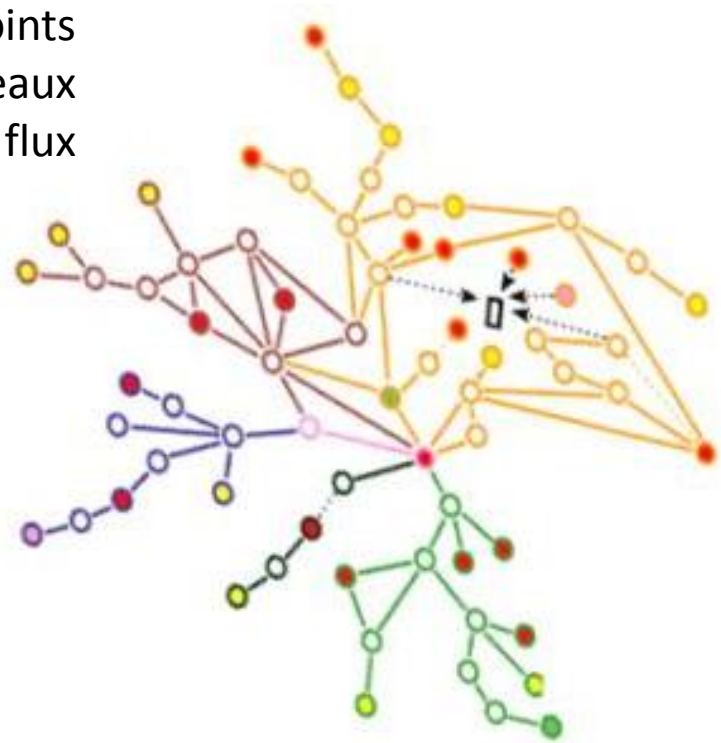


Définition d'un **réseau** sur Wikipédia

Un **réseau** est un ensemble de **nœuds** (ou *pôles*) reliés entre eux par des **liens** (ou *canaux*). Les nœuds peuvent être des points massiques simples ou des sous-réseaux complexes. Les *canaux* sont à leur tour des flux de force, d'énergie ou d'information.



● Deux exemples

● Méthodes d'analyses du transcriptome utilisées pour

-identifier des gènes co-régulés

-identifier des ensembles d'expériences



Groupes

-identifier une cohérence biologique au sein de ces groupes

-superposition de couches d'information (métabolome etc...)

● Problèmes rencontrés-questions posées

①

**Régulation organe
spécifique de la réponse à
la carence azotée?**

Coll. A. Krapp (IJPB INRA Versailles)

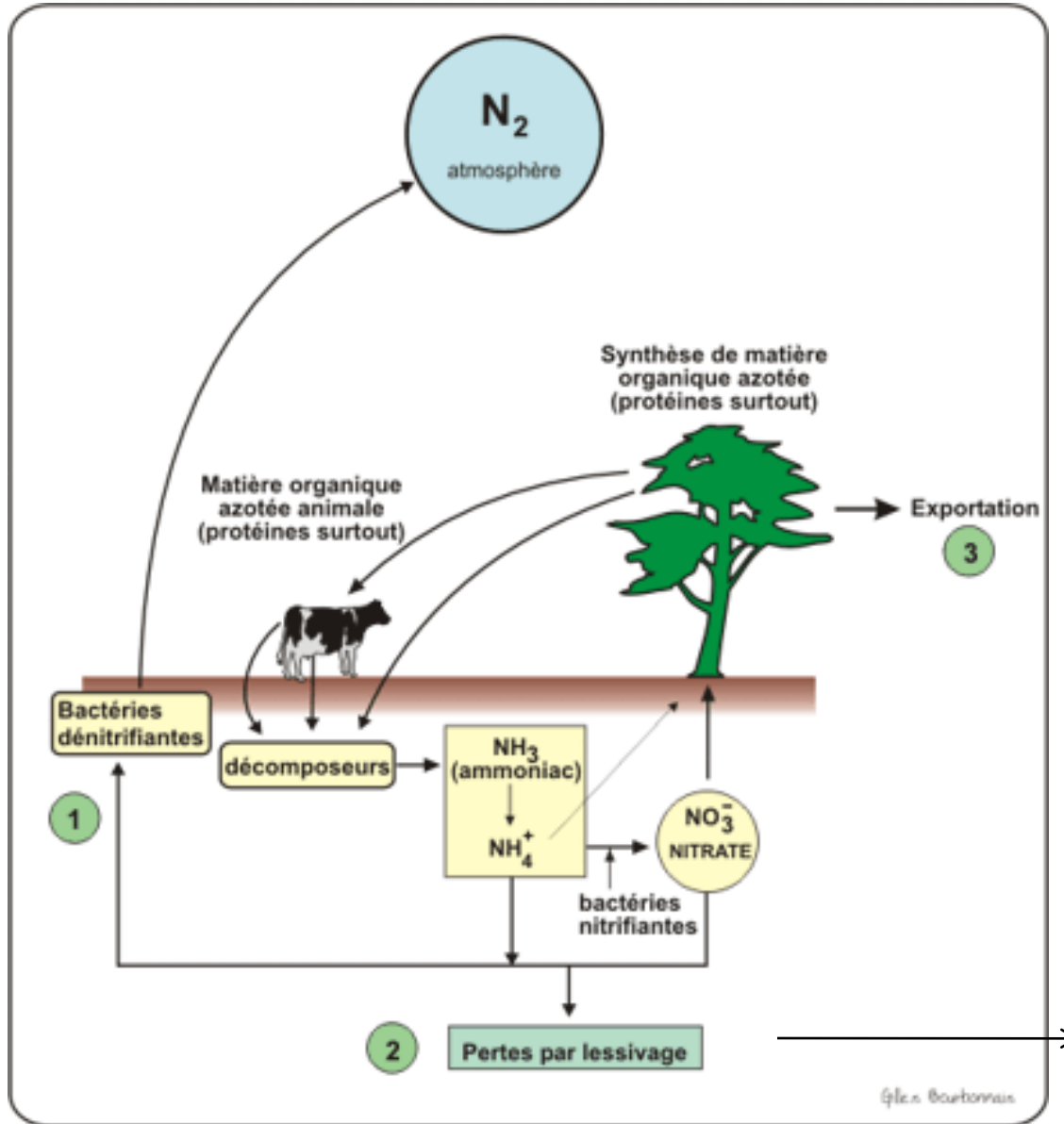
②

**Transdétermination
racinaire?
identification de
marqueurs de dédiff.
rediff. cellulaire.
Approche tissu
spécifique**

Projet Regeneome
D.Gey URGV-Evry
P.Rech, M. Dacosta UPMC Paris
F. Roudier ENS Paris

1

N cycle



Liebig law



1

N starvation



Cereal



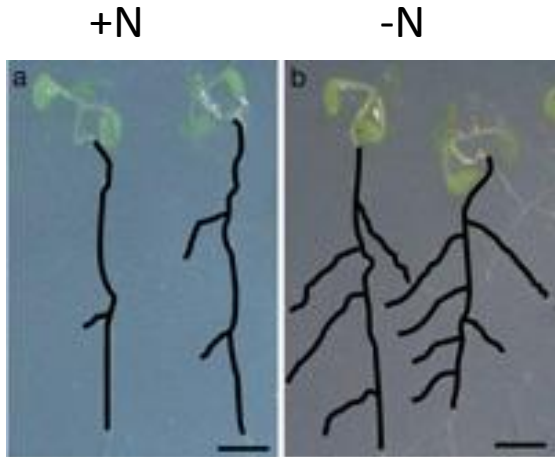
Maize



Cucumber

Enjeu agronomique majeur

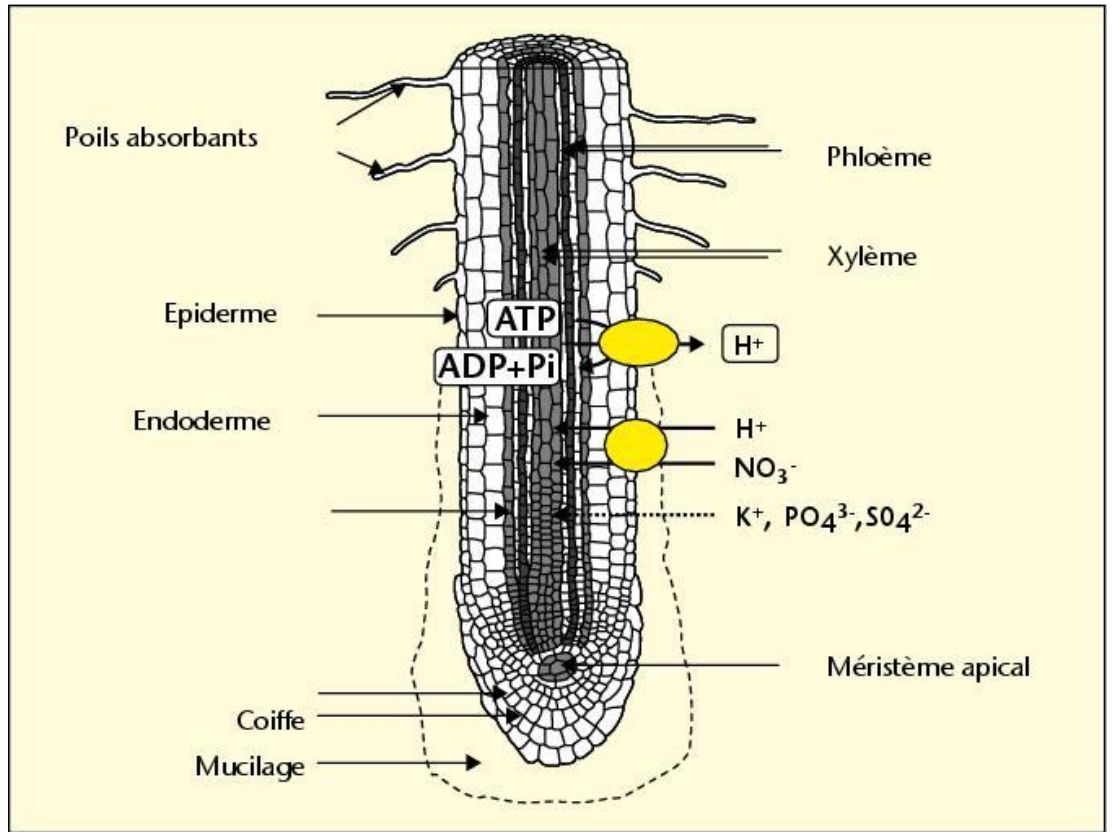
1



Gifford et al., 2006



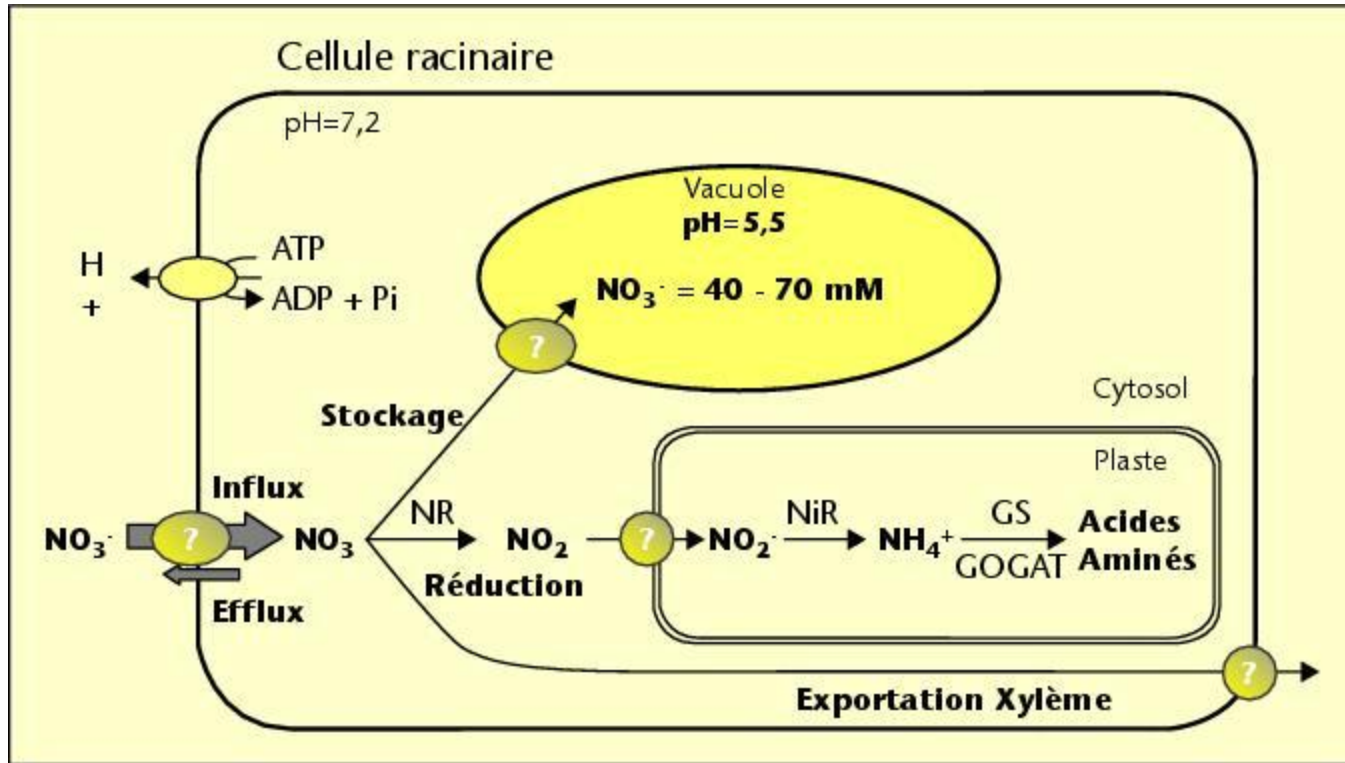
Root/shoot ratio



Morot-Gaudry et al., 2006

1

Assimilation



Morot-Gaudry et al., 2006

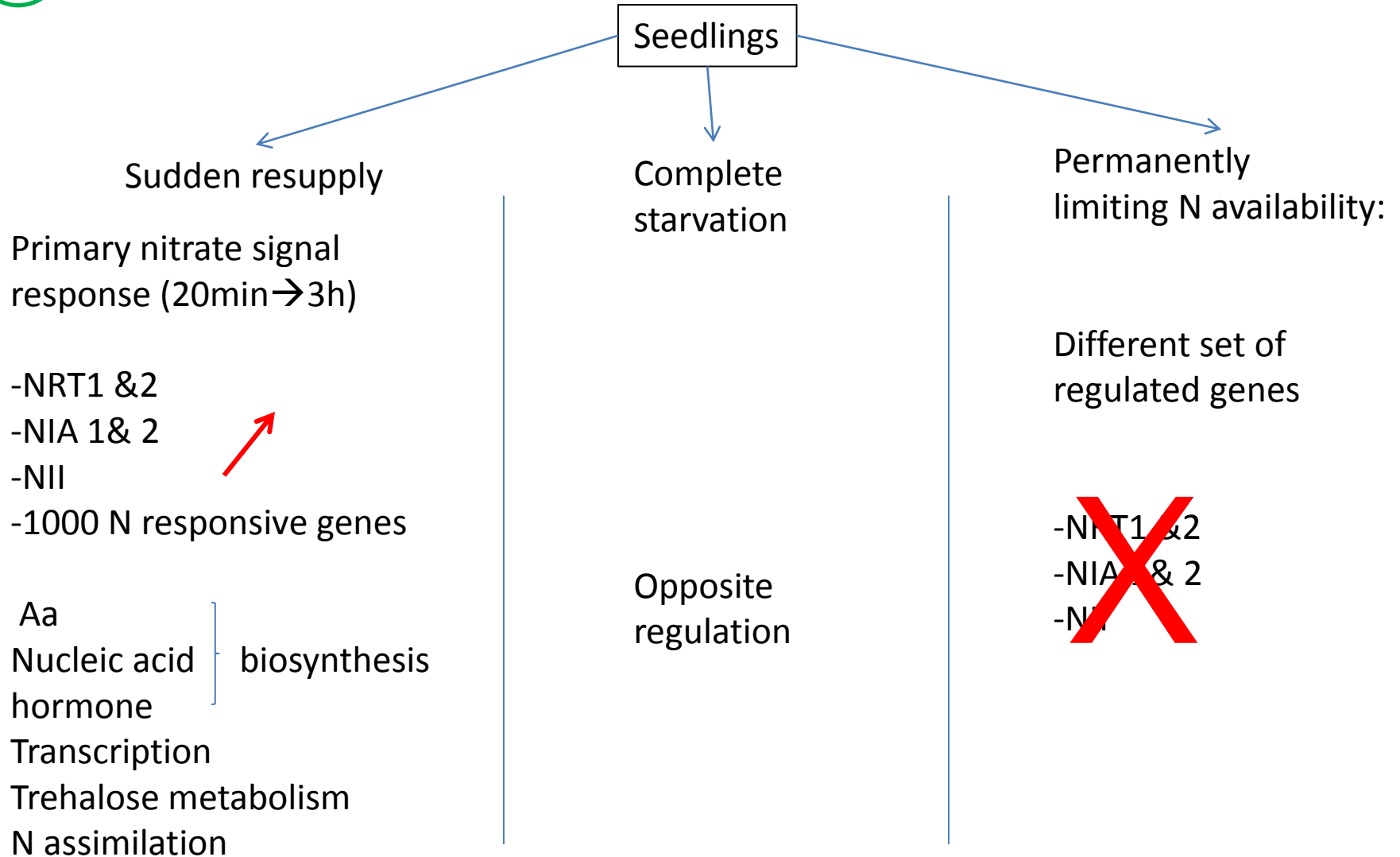
Remobilization

Biomolécule \rightarrow inorganic N (ammonium)

Reincorporation into metabolism \rightarrow maintain N economy

1

Transcriptome analysis: NO₃⁻ as a signal molecule



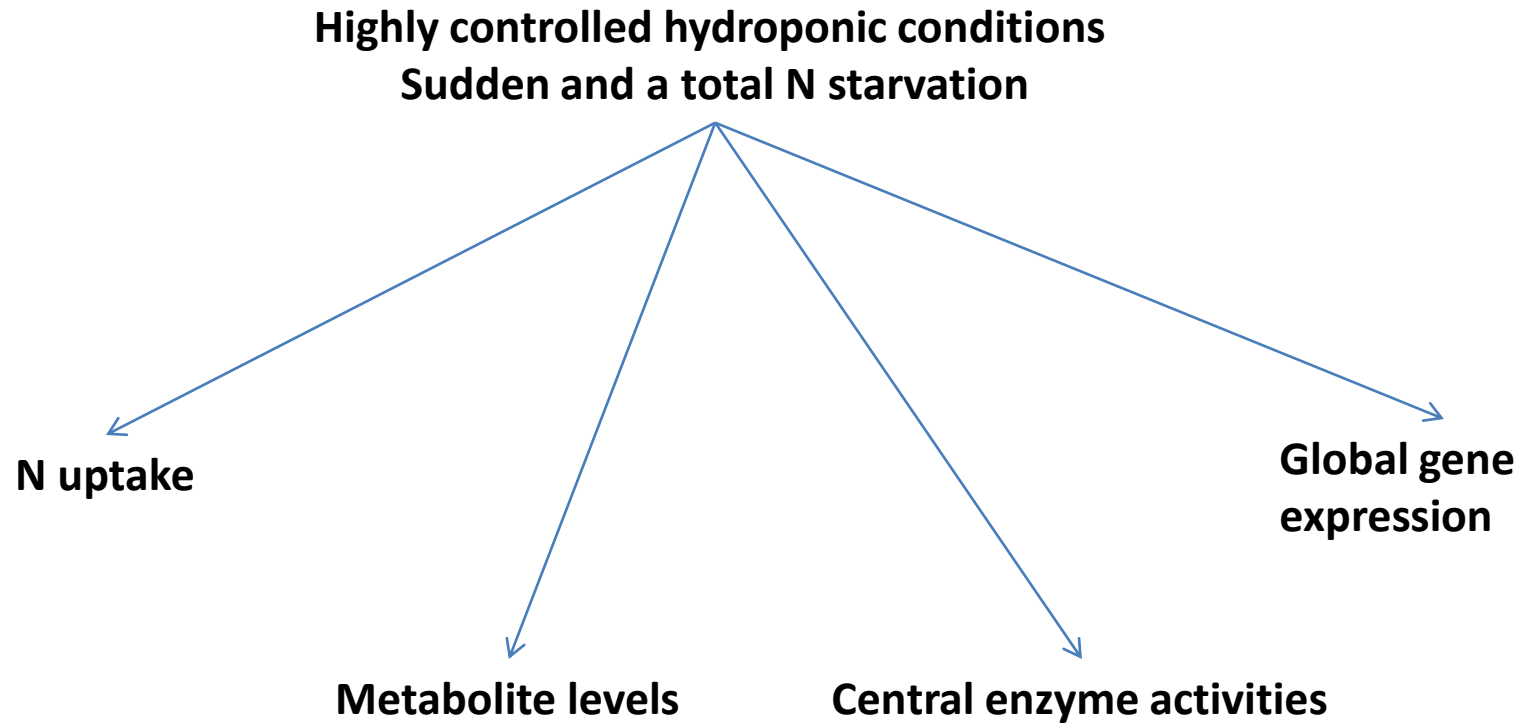
+ post-transcriptional regulation / miRNA (167, 169, 2111)

1

Notre étude

Régulation organe spécifique de la réponse à la carence et à la remobilisation de l'azote?

Coll. A Krapp IJPB Versailles



1

Bilan



Nos données



Nombreux travaux précédents



Systemes expérimentaux différents



Quantités importantes de données disponibles

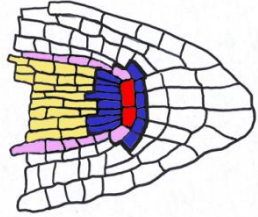


Données produites à l'aide de supports différents
(AFFY/CATMA)

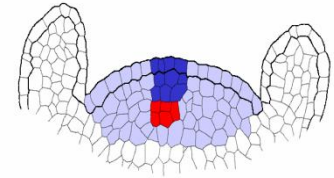
2

Transdetermination racinaire? identification de marqueurs de dédiff. rediff. cellulaire

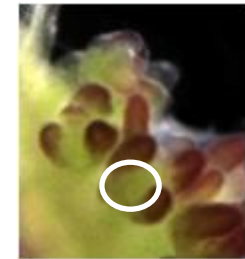
Cellules souches racinaires



Cellules souches caulinaires



TRANSDETERMINATION

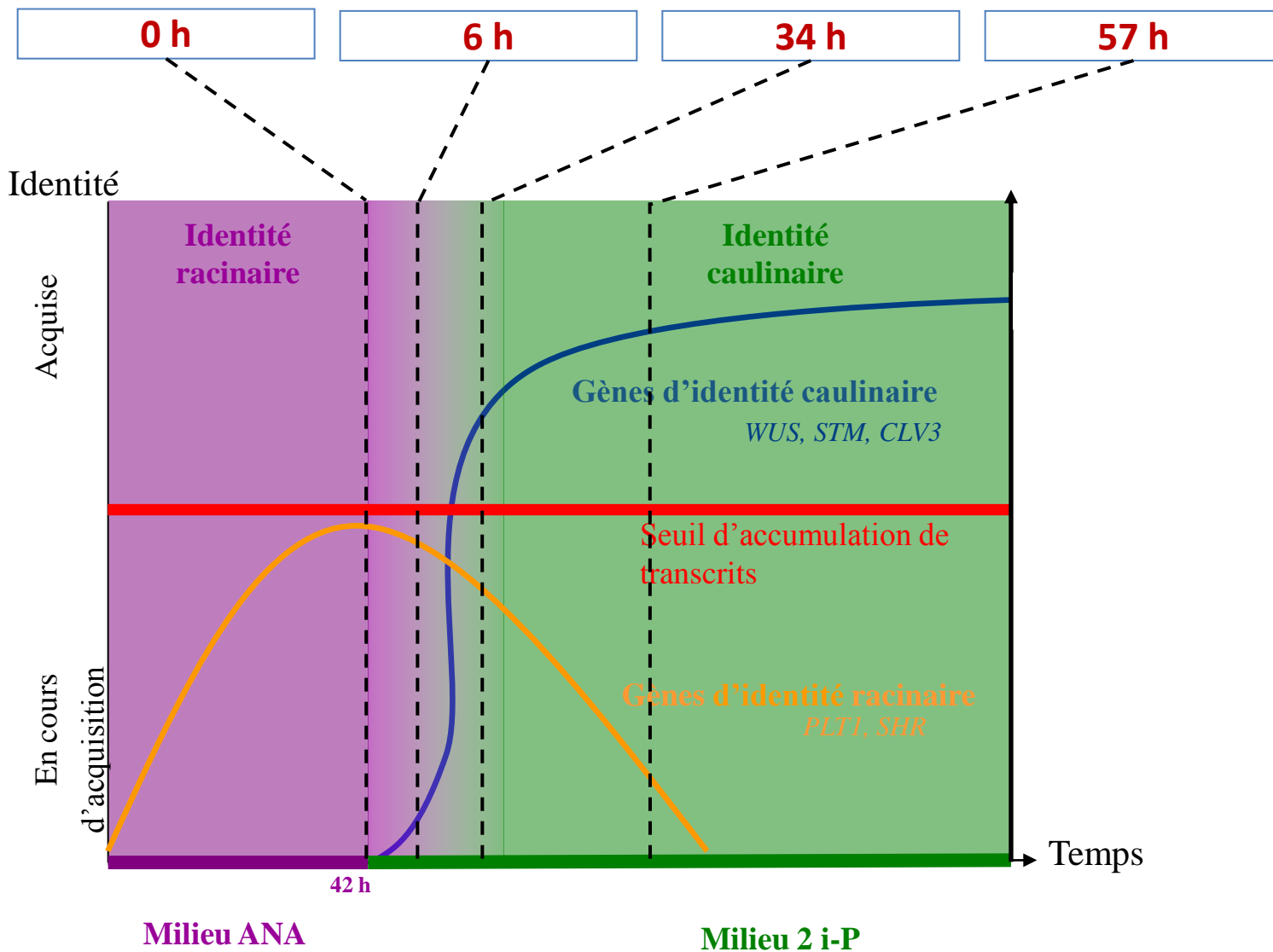


Induction et synchronisation de la rhizogénèse latérale

Microdissection

Projet Regeneome
Collaboration ADT-URGV/M. Dacosta, P. Rech, UPMC P6/F.Roudier ENS

2



2

Bilan



Nos données / nombreux gènes diff



Peu ou pas de travaux similaires



Systemes expérimentaux différents



Données produites à l'aide de supports différents
(AFFY/CATMA)

Méthodes d'analyse

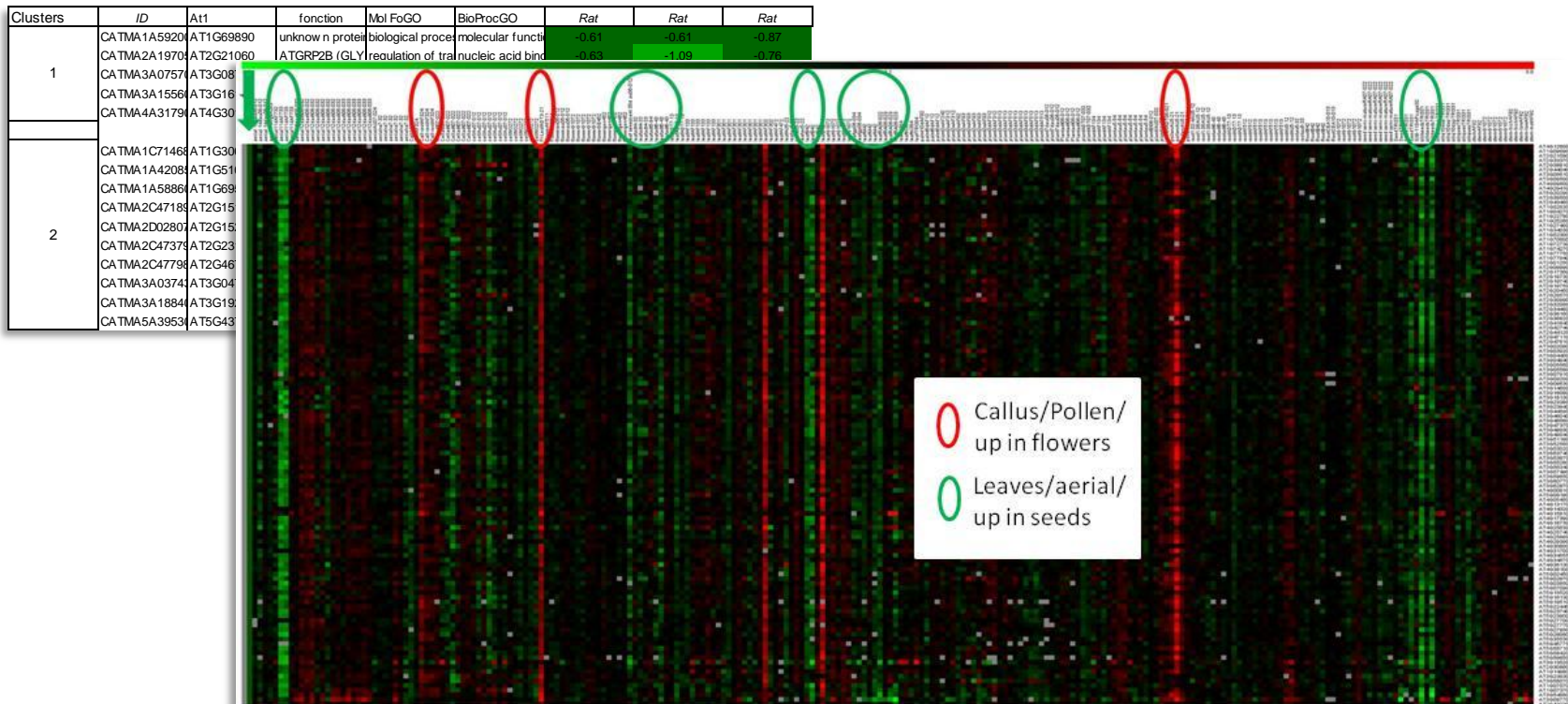
Set de gènes diff /validation par RT-qPCR



Clustering (Genesis) / exploitation des bases de données CATdb/Genevestigator

1- identification de groupes de gènes co-régulés

2-identification de groupes d'expériences dans lesquelles ces gènes sont co-régulés



3-comparaisons avec des travaux précédents similaires

- Robustesse des résultats
- Constitution de clusters de gènes spécifiques/communs
- Différences??
- Méthodes statistiques pour valider??

Carence N

Study	Scheible et al., 2004	Bi et al., 2007	Wang et al., 2003	Patterson et al., 2010	Our study					
Organ	Seedlings	Shoots mild Shoots severe	Roots	Shoots	Roots & shoots					
Regulated gene	Down	Down	Down	Down	Up					
% of gene in common/ total gene in each study	20%	0%	37%	5%	14%	0%	35%	8%	1%	40%
Regulated gene	Up	Up	Up	Down	Up	Down	Up	Up	Down	Up & down
% of gene in common/ total gene in each study	17%	22%	36%	47%	5%	100%	8%	1%	18%	39%

Transdétermination

Comparisons	1j18ANA / 6h 2ip			6h2ip / 1j10h2ip			1j10h2ip / 2j10h2ip					
	Our work	<i>Che et al. 2006</i>		Our work	<i>Che et al. 2006</i>		Our work	<i>Che et al. 2006</i>				
Organ	Shoots	Callus	Roots	Shoots	Callus	Roots	Shoots	Callus	Roots			
Up regulated genes	359	37	3	19	850	109	5	62	200	63	3	13
Down regulated genes	377	2	9	11	938	4	13	18	308	12	2	5
Total	739	39	12	30	1788	113	18	80	508	75	5	18
%		5.3	1.6	4.1		6.3	1.0	4.5		14.8	1.0	3.5

4- identification des groupes de gènes significativement sur-représentés par rapport au génome de référence

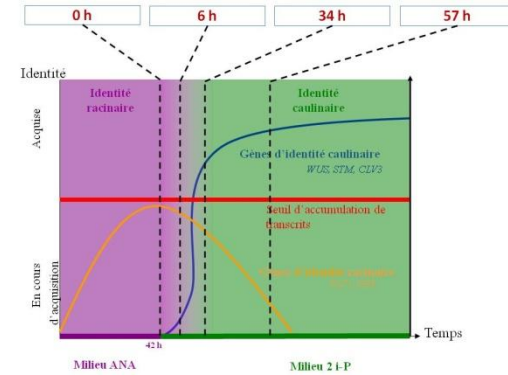
→ interprétation biologique, pistes?

→ information supplémentaires

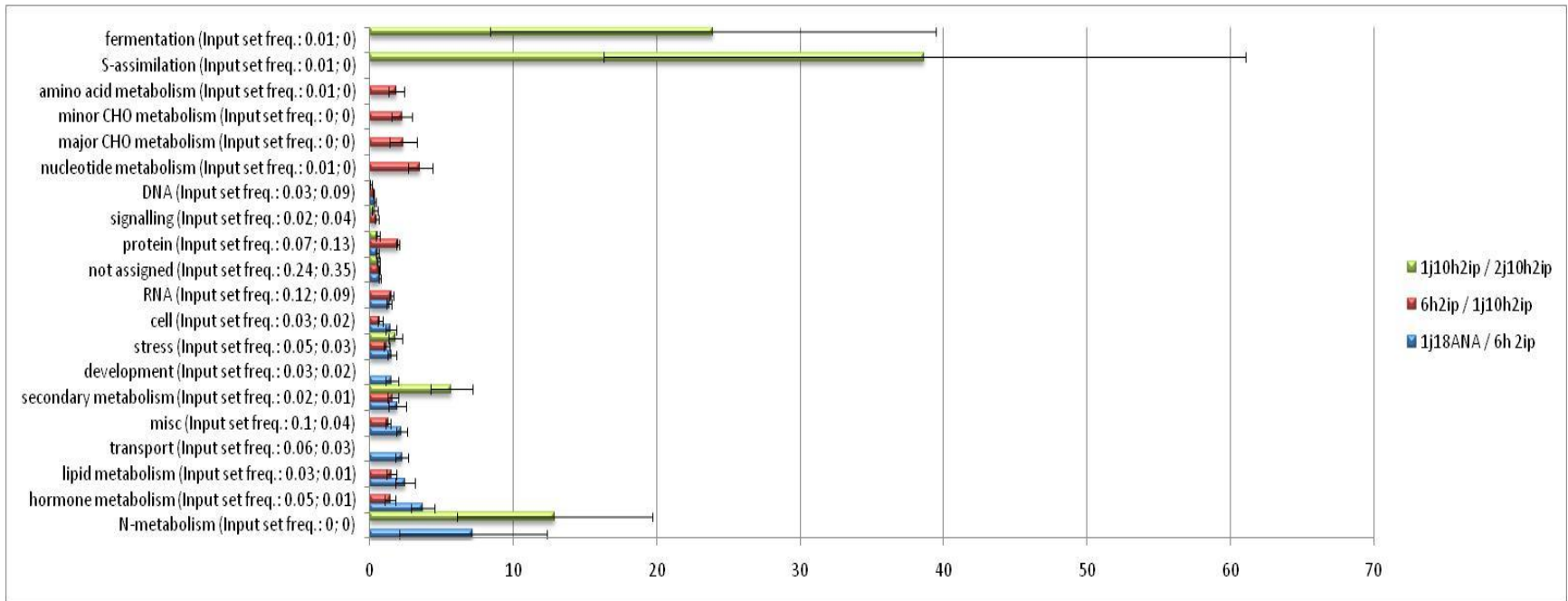
→ classification superviewer

(http://bar.utoronto.ca/ntools/cgi-bin/ntools_classification_supviewer.cgi)

→ classification de référence utilisée ??



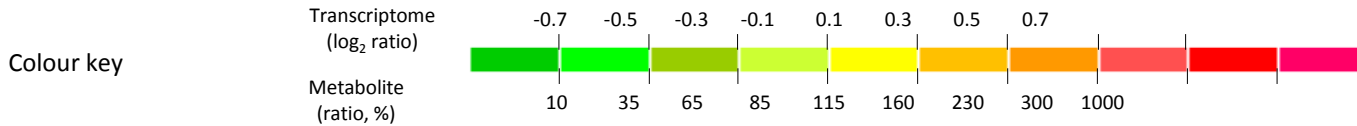
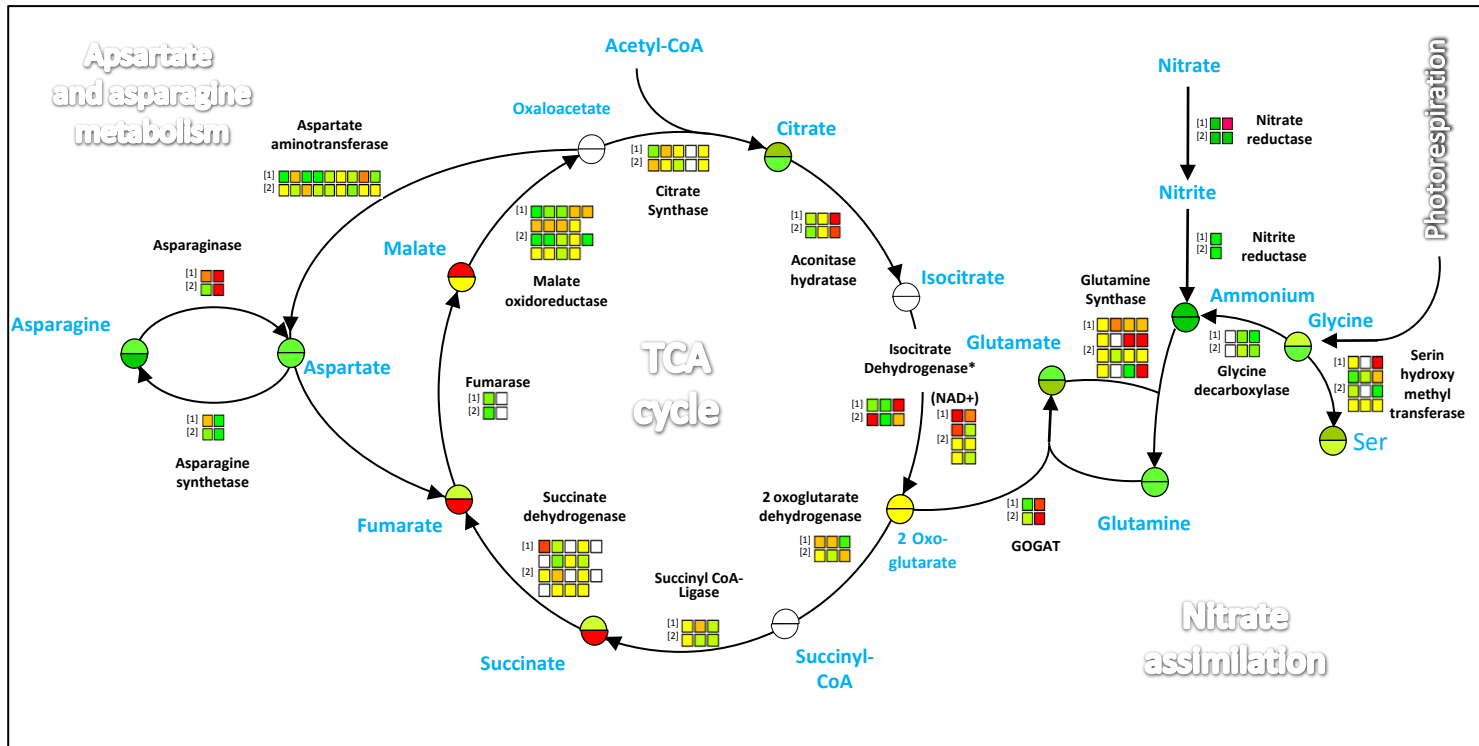
Gènes surexprimés



Frequency in the list normalized to freq. in Arabidopsis set

5-Integration d'autres couches d'information →activités enzymatiques/métabolites/interactions

Carence N / Kappa View4 (<http://kpv.kazusa.or.jp/kpv4/>)



[1] roots, [2] shoots



Synthèse



Constitution de groupes de gènes

- Apport d'informations qualifiant ces groupes

- co-régulation
- dans d'autres travaux
- communs/spécifiques
- fonctions

- Ajout de couches d'informations

- métaboliques
- activités enzymatiques
- interactions protéiques

Pbm:
Pas d'outil simple
et facile d'utilisation



Outils utilisés pour identifier les réseaux

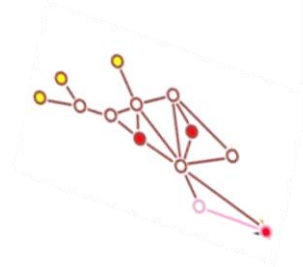
→ GeneMANIA (<http://www.genemania.org/>)

→ Visual Plant/cytoscape (<http://virtualplant.bio.nyu.edu/cgi-bin/vpweb/>)

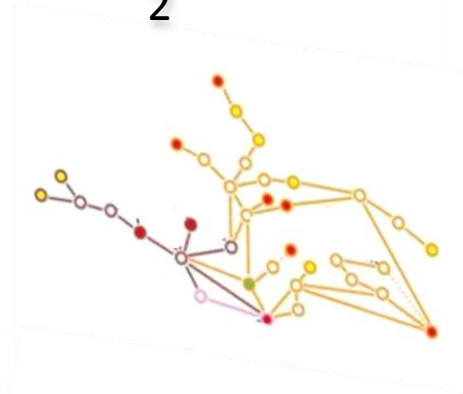
Constitution du réseau?

- chaque point est spécifique
- contribution au réseau global
- poids de chaque point dans le reseau

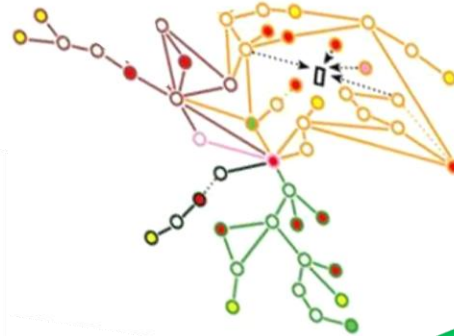
1



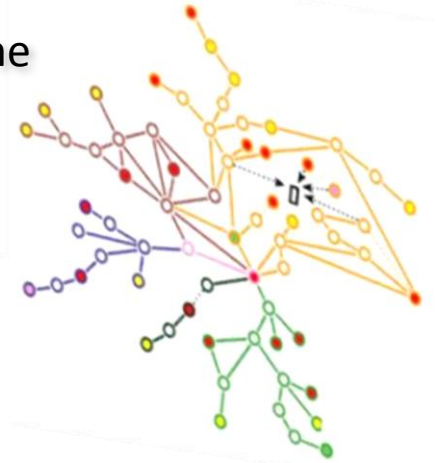
2



3



Somme



- 
- cinétique
 - tissus constituant un organe