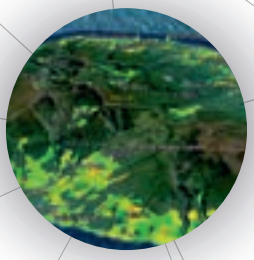
les dossiers
d'AGROPOLIS
INTERNATIONAL
Compétences de la communauté scientifique en région Occitanie

SYSTÈMES COMPLEXES
de la biologie aux territoires



Numéro 23
Juin 2018

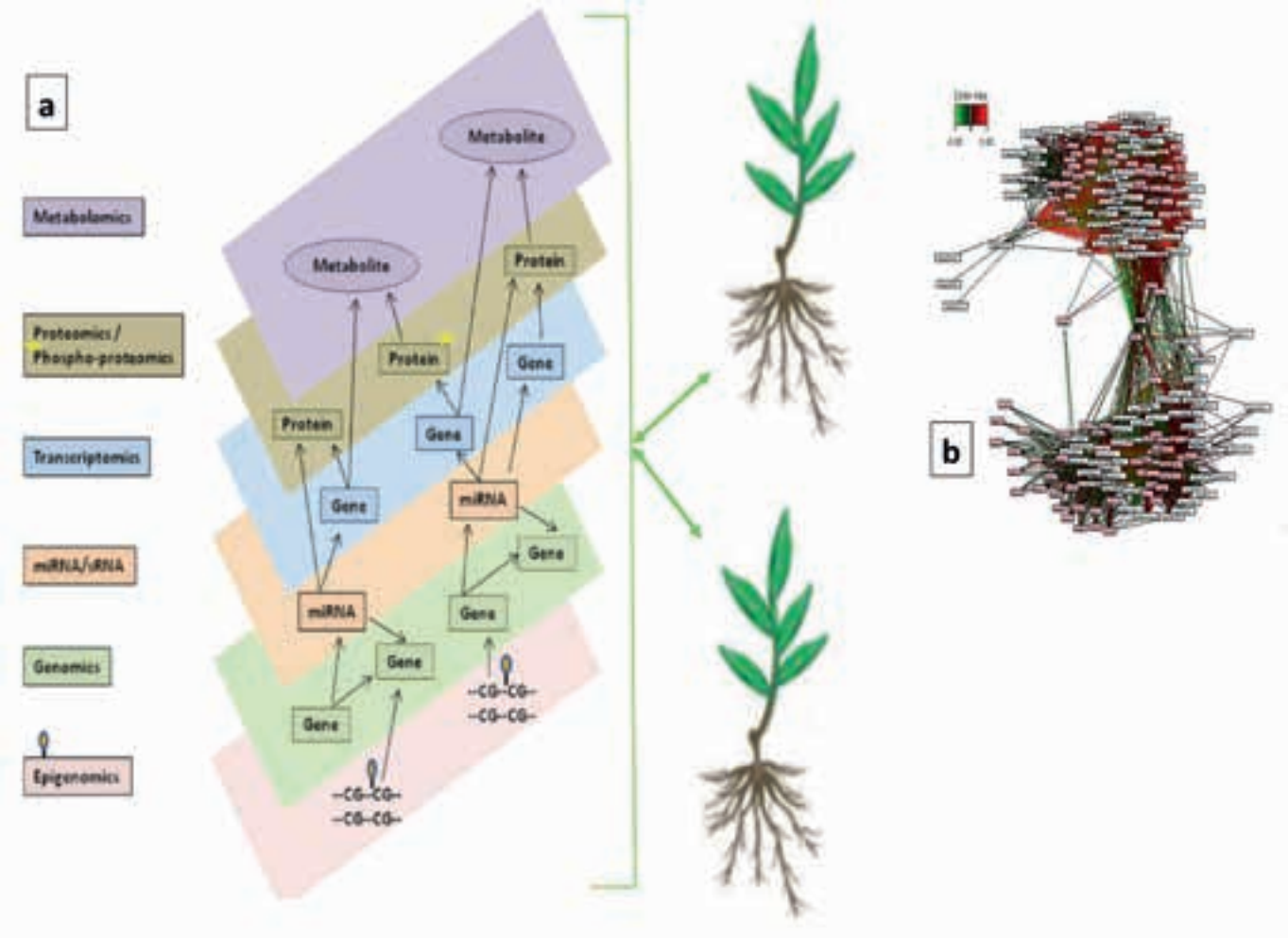
Analyse des réseaux de régulation de l'expression du génome contrôlant l'adaptation aux stress

L'expression des gènes est régulée par différents mécanismes sous contrôle génétique et épigénétique. Le premier niveau dépend de la dynamique de l'épigénome et fait intervenir la condensation de la chromatine liée aux marques histones qui définit l'accessibilité de la séquence génomique aux complexes protéiques de transcription. Le second est la régulation transcriptionnelle des gènes comprenant d'une part une régulation d'origine épigénétique des promoteurs par méthylation des cytosines, et, d'autre part, une régulation de l'activation de la transcription par des éléments cis (boîte de régulation) et *trans* de type facteurs de transcription. Le troisième niveau concerne les régulations post-transcriptionnelles qui font intervenir des petits ARN non codants de type microARN qui vont cliver les transcrits des gènes cibles ou inhiber leur traduction en protéine. Enfin, les modifications post-traductionnelles vont agir sur l'activité des protéines.

L'équipe BURST* (UMR AGAP) appréhende ces mécanismes à l'aide des données omiques (transcriptomique, micro-transcriptomique, analyse de dégradome, et métabolomique), une analyse de type biologie des réseaux ainsi que leur validation par des approches de génomique fonctionnelle. L'intégration et la représentation de ces données sont réalisées à l'aide d'outils bio-informatiques tels que Mixomics, WGCNA (*weighted gene co-expression network analysis*), etc. Ce niveau d'analyse permet d'avoir une compréhension globale des régulations sous stress d'espèces pérennes et d'identifier les mécanismes adaptatifs mis en jeu ainsi que les combinaisons d'allèles favorables pour soutenir les programmes de pré-breeding.

Contact : P. Montoro (UMR AGAP), montoro@cirad.fr

* Biologie cellUlaire de la Réponse aux STress abiotiques et biotiques chez les espèces pérennes (BURST)



▲ *A. Schéma intégratif des différents niveaux d'analyses globales allant du génome au phénotype et lien avec les analyses génétiques des caractères d'intérêt agronomique.* *D'après Shakhawat, 2015.*

▲ *B. Intégration des données transcriptomiques (blanc) et métabolomiques (rose) chez l'eucalyptus (Favreau,* in prep*).*