

Étude de transcriptome utilisée dans la prédiction des fonctions de gènes chez l'épinette blanche

Elie Raheison,
Isabelle Giguère, Sébastien Caron et
John MacKay



UNIVERSITÉ
LAVAL



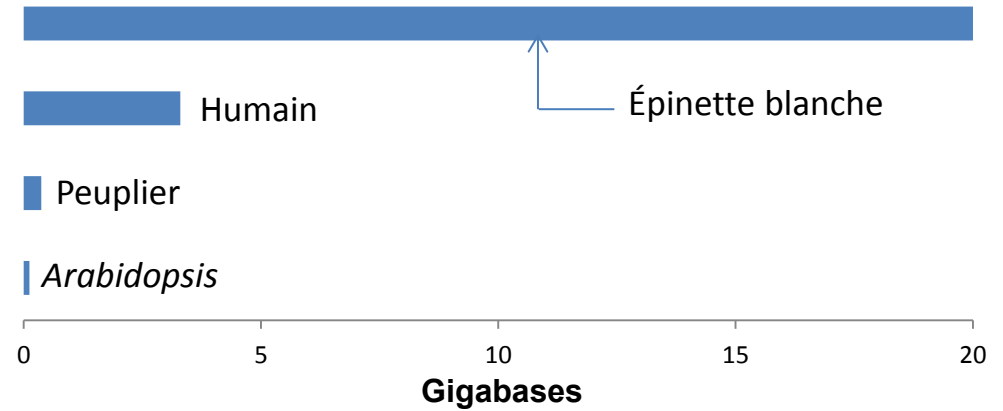
Centre d'étude de la forêt



Introduction



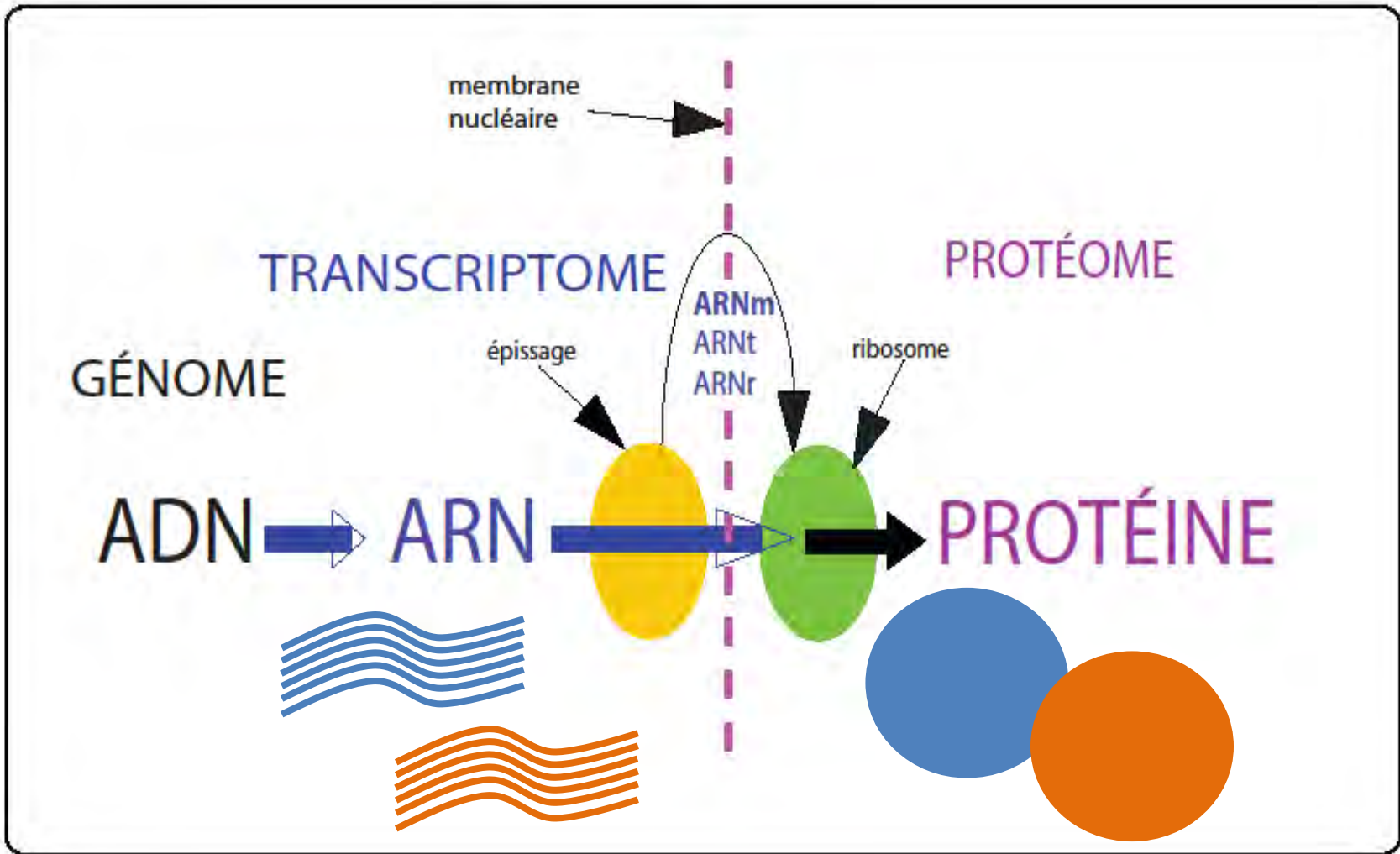
➤ Génome de grande taille (épinette blanche)



➤ Génome non - séquencé

➤ Plus de 27000 gènes identifiés, 32000 gènes prédits

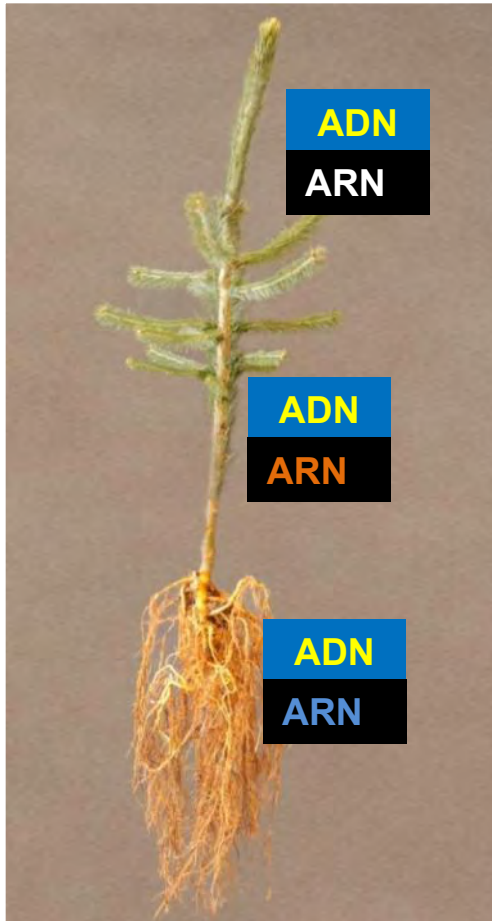
➤ Peu d'informations sur la fonction de ces gènes.



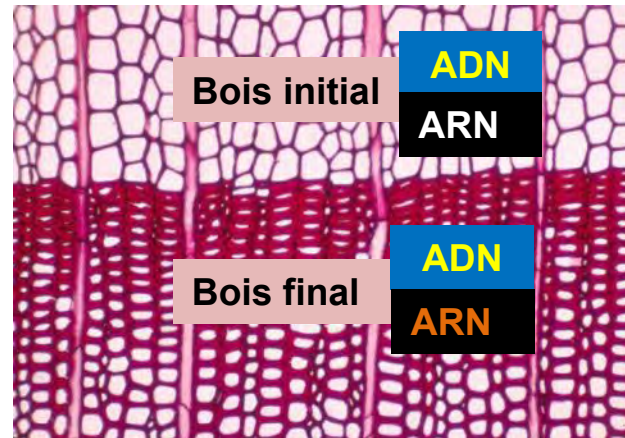
À l'intérieur de l'individu,

- Le génome ne change pas peu importe les
- Le transcriptome change selon les

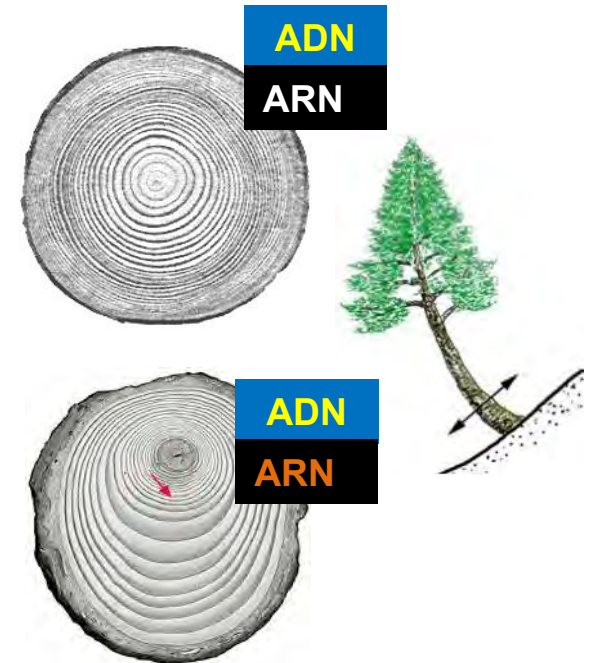
Tissus ou organes



Stades de développement



Conditions biologiques



- Le génome est plus stable
- Le transcriptome est le reflet de l'activité du génome

Objectif

- Caractériser le transcriptome (groupes de co-expression et leurs fonctions) de l'épinette blanche

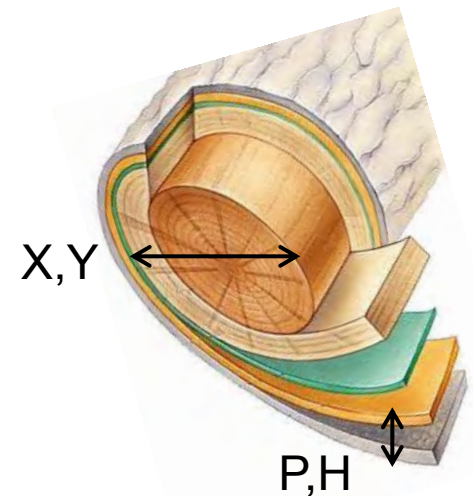
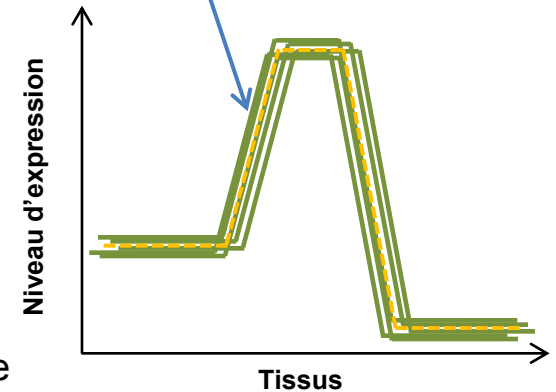


- 7 tissus/organes

Apex caulinaire
Feuillage
Xylèmes caulinaire et racinaire
Phloèmes caulinaire et racinaire
Pointes racinaires

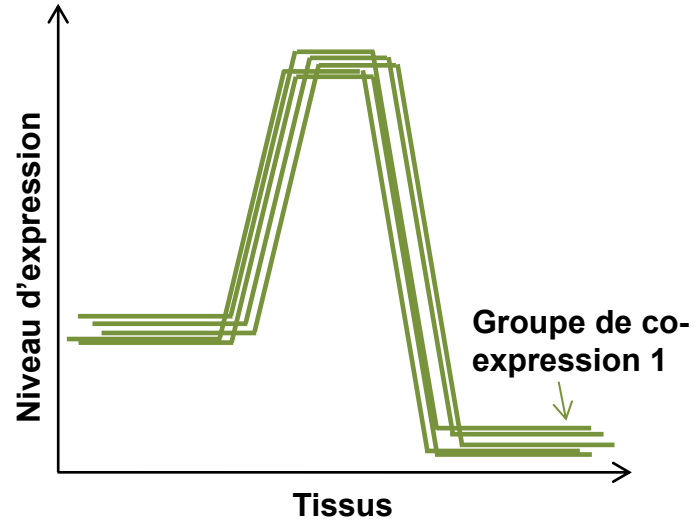
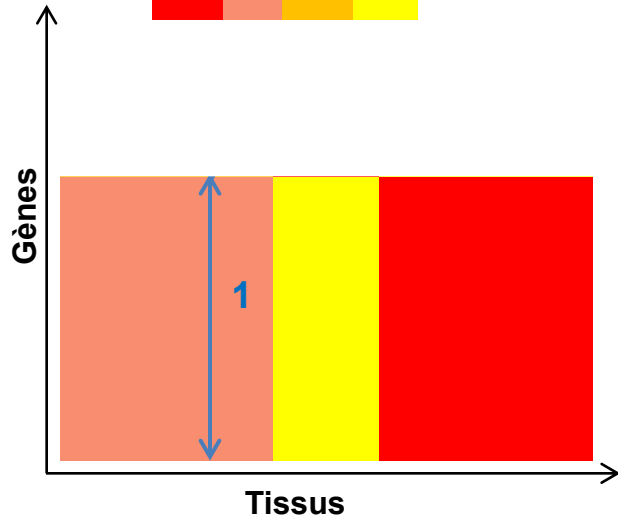
- 4 répétitions biologiques

- 23 853 gènes de l'épinette blanche

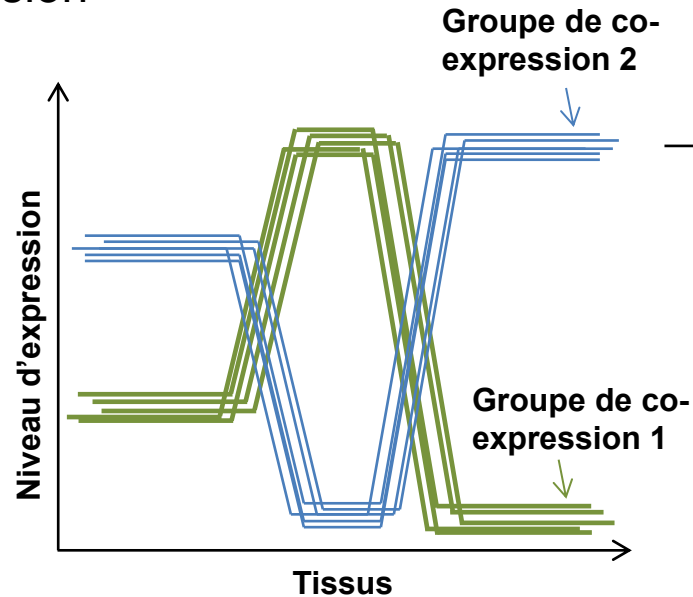
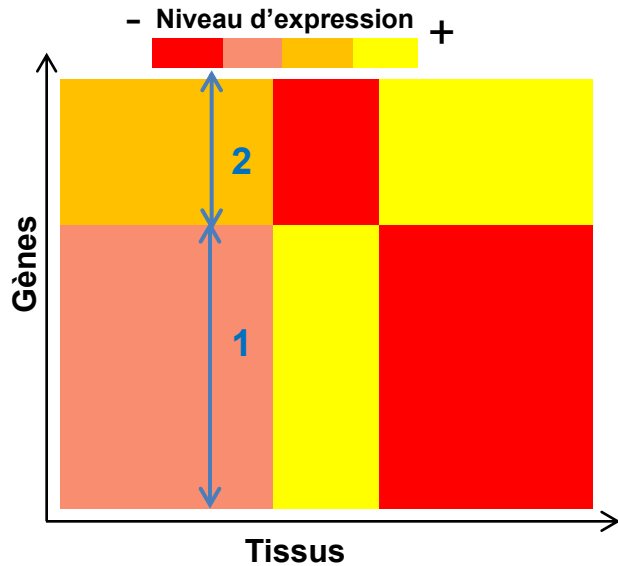


➤ Groupes de co-expression

- Niveau d'expression +



➤ Groupes de co-expression

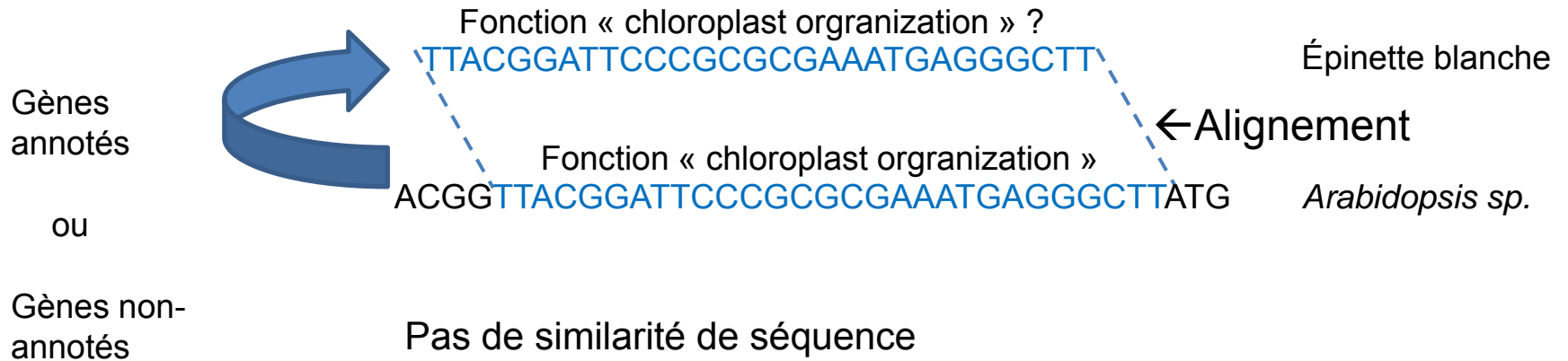


Surreprésentation de la fonction « chloroplast organization »

Photosynthèse

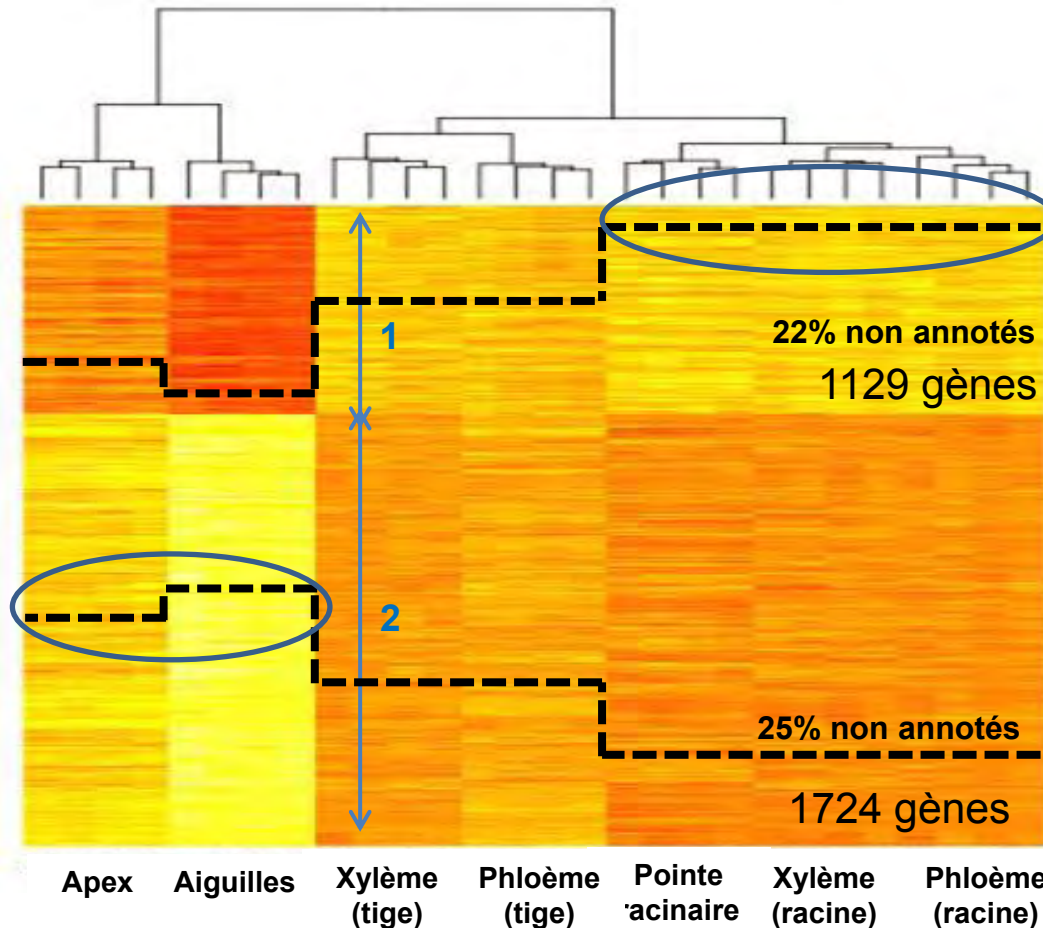
Allocco et al. (2004)

➤ Annotations fonctionnelles



Résultats

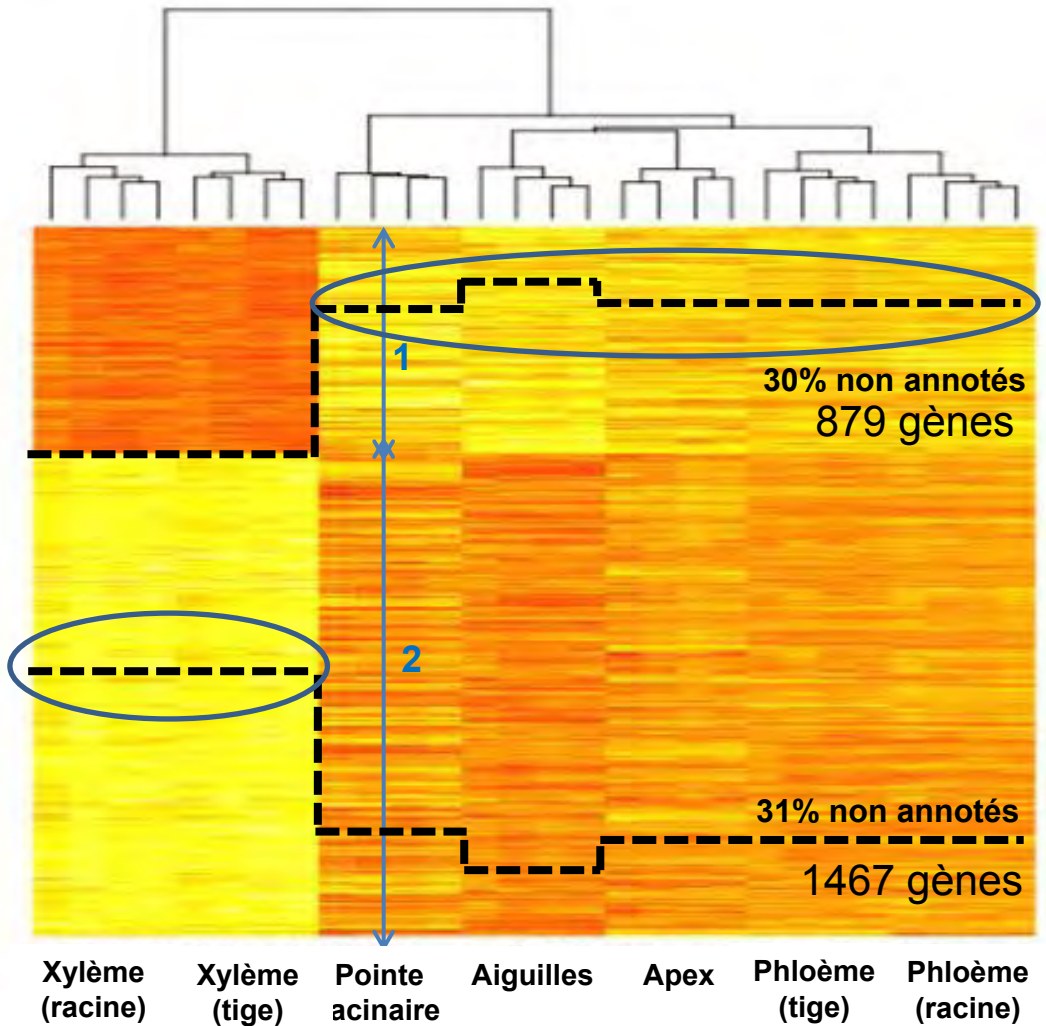
- 99% (sur 23853) de gènes ont été détectés dans au moins un tissu
- 24 groupes de co-expression de **108 à 1792 gènes variables** à travers les tissus



- Réponse aux facteurs abiotiques et biotiques
- Communication cellulaire
- Différenciation des organes

- Différenciation des cellules et des organes
- Organisation des parois cellulaires

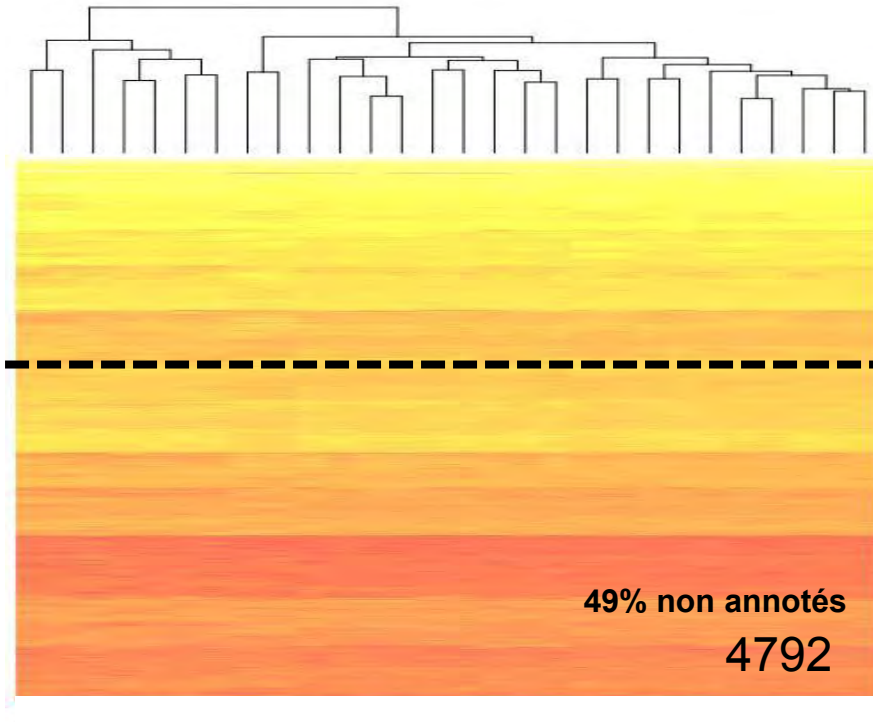
→ Développement et défenses



- Réponse aux facteurs abiotiques et biotiques
- Apoptose
- Différenciation des cellules et des organes
- Organisation des parois cellulaires

→ Développement et défenses

➤ un groupe d'expression de **gènes invariables** à travers les tissus



- **Transcription, traduction**
- **Division cellulaire**
- **Apoptose**

→ Fonctions cellulaires de base

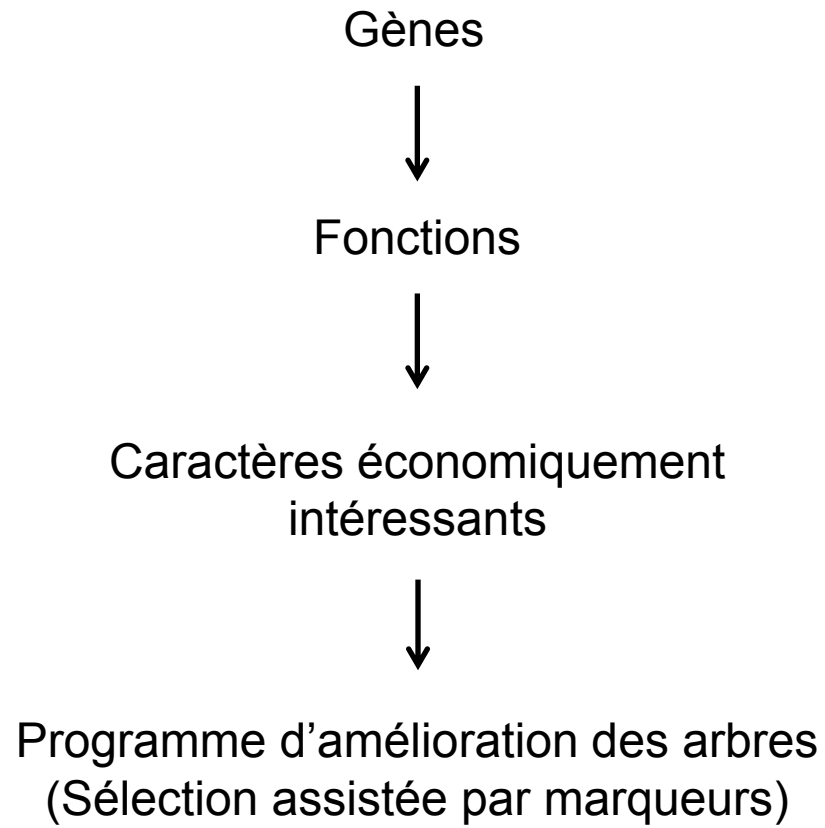
Conclusions

- Le transcriptome est organisé en groupes de co-expression.
- Les groupes de co-expression rassemblent les tissus selon leur type ou leur rôle physiologique.
- Les gènes invariables sont associés au métabolisme de base et les gènes variables au métabolisme secondaire.

TAKE HOME MESSAGE

**Le phénotype intermédiaire
peut être analysé pour prédire
le rôle de gènes**

Et après?



Merci
à tous les membres de l'équipe de John MacKay et
à Sylvie Carles

FIN