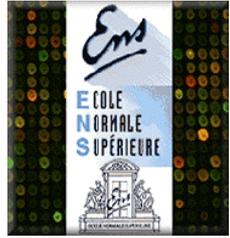
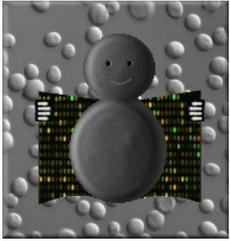


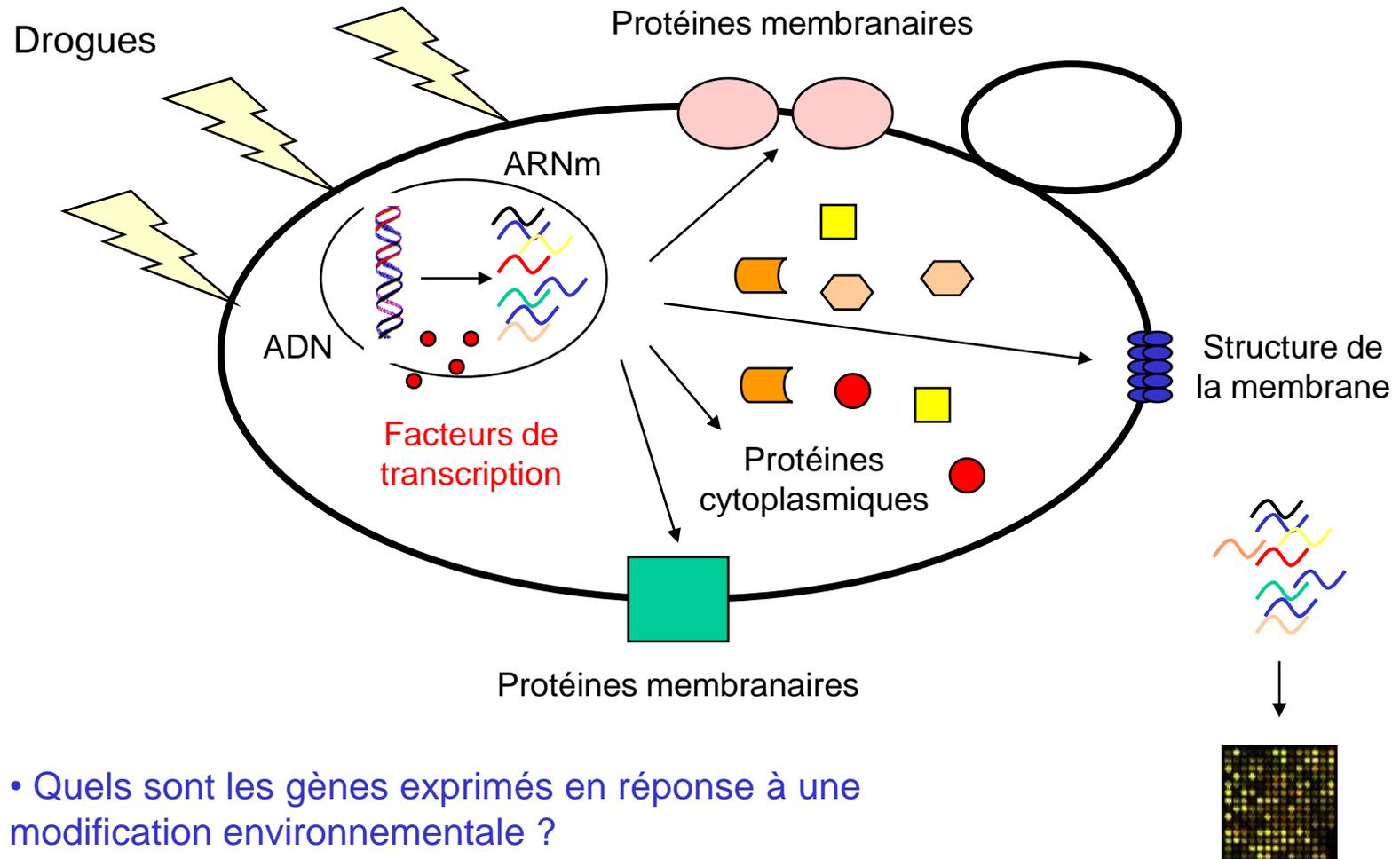
Laboratoire de Génétique Moléculaire
École Normale Supérieure



Étude de la dynamique des réseaux transcriptionnels
dans la réponse précoce au stress chez *S. cerevisiae*

Anca Lucau-Danila, Gaëlle Lelandais, Zuzana Kozovska,
Véronique Tanty, Thierry Delaveau, Frédéric Devaux, Claude Jacq

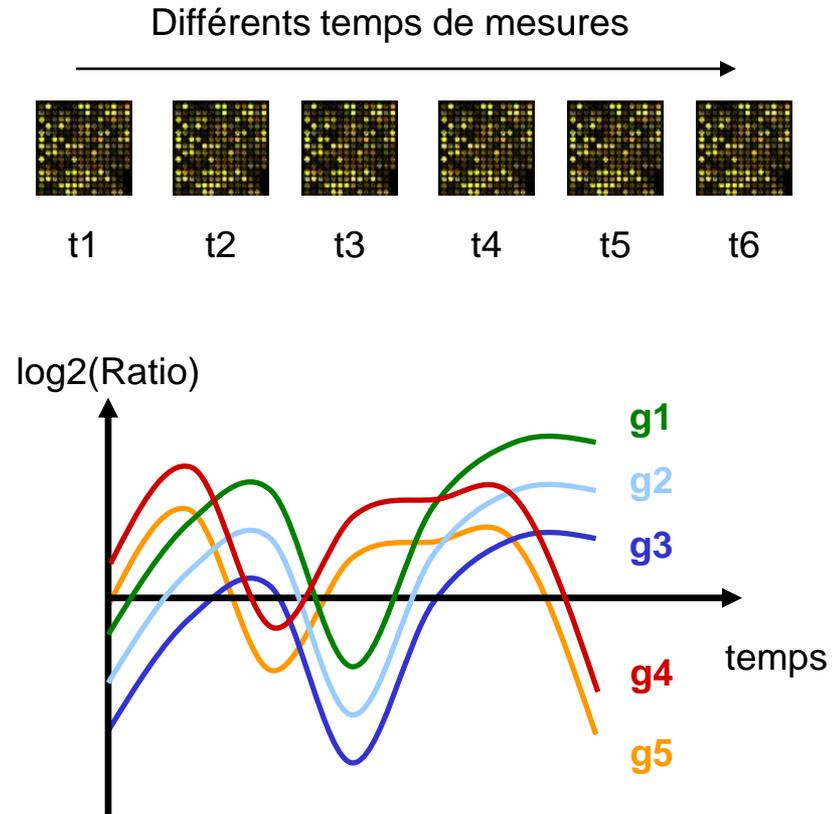
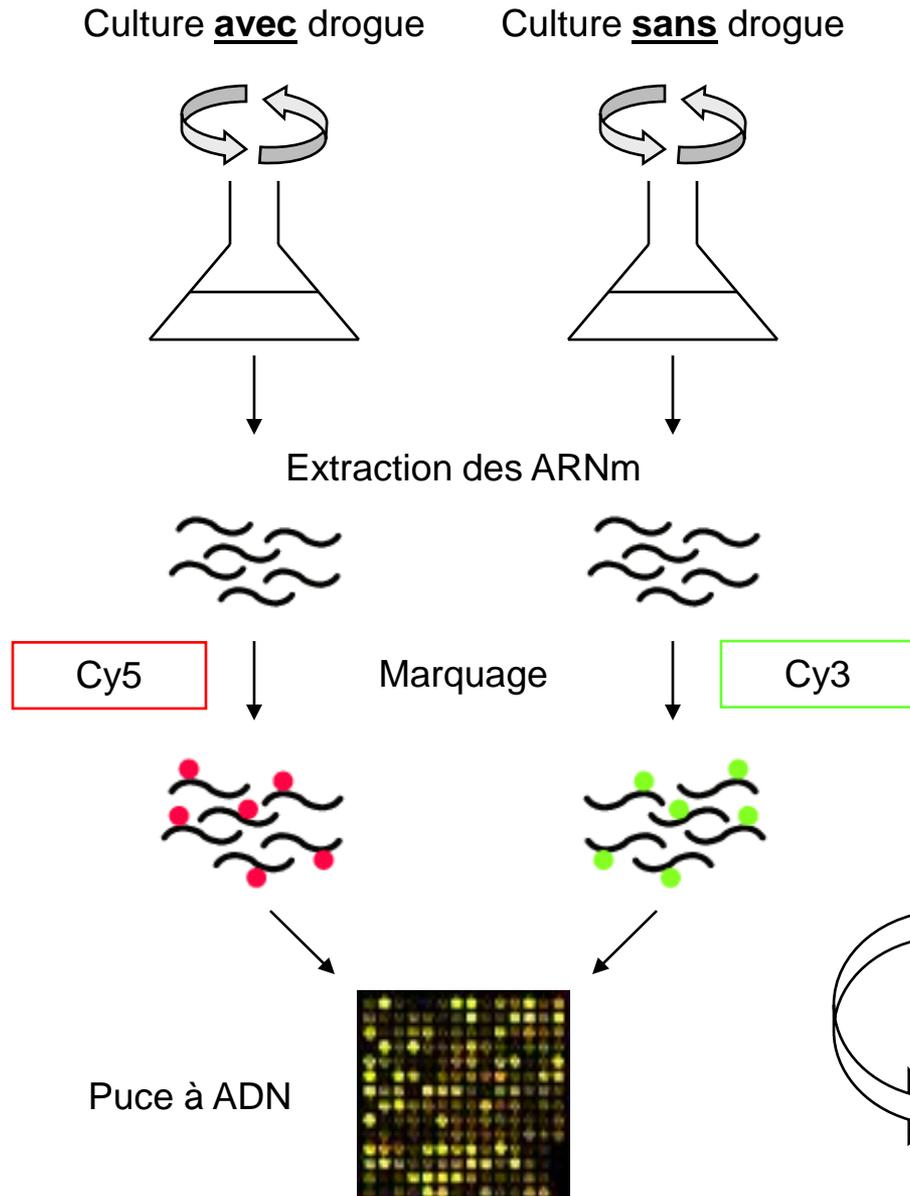
La réponse au stress : un système bien complexe...



- Quels sont les gènes exprimés en réponse à une modification environnementale ?
- Quelle est la dynamique des réseaux transcriptionnels alors mis en place ?

Analyse des transcrits grâce aux puces à ADN

Cellules placées dans différents contextes physiologiques



L'évolution de la quantité des transcrits est suivie en fonction du temps

➤ La composante temps donne une vue dynamique du transcriptome

Études préliminaires

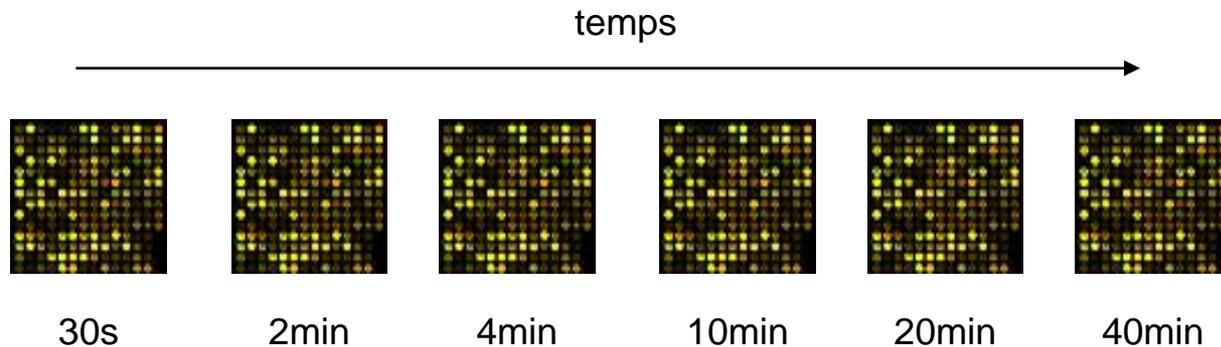
✓ Choix de la drogue : **le Bénomyl**

Le Bénomyl est un composé anti-mitotique qui inhibe la synthèse des microtubules

Le Bénomyl était connu pour induire l'expression de la protéine membranaire Flr1 via le facteur de transcription Yap1 (Nguyen et al., 2000)

✓ Choix d'une dose et de différents temps de mesures

Des expériences préliminaires ont permis de choisir une dose (20 $\mu\text{g/ml}$) et des temps de mesures permettant d'appréhender la réponse transcriptionnelle précoce au Bénomyl



Les données issues des puces à ADN

✓ À l'issue des expériences de puces à ADN, les résultats sont sous la forme d'une « matrice d'expression » :

Expression différentielle mesurée

Ensemble des gènes sur la puce

	30s	2min	4min	10min	20min	40min
Gène 1	Val(1,1)	Val(1,2)	Val(1,3)	Val(1,4)	Val(1,5)	Val(1,6)
Gène 2	Val(2,1)	Val(2,2)	Val(2,3)	Val(2,4)	Val(2,5)	Val(2,6)
.....
.....
.....
.....
Gène n	Val(n,1)	Val(n,2)	Val(n,3)	Val(n,4)	Val(n,5)	Val(n,6)

Identifier les gènes impliqués dans la réponse au Bénomyl



Analyses Bioinformatiques

A vous !