



Comparaison de réseaux de gènes pour explorer le rôle des transcrits anti-sens

Submitted by Marc Legeay on Tue, 12/06/2016 - 15:15

Titre Comparaison de réseaux de gènes pour explorer le rôle des transcrits anti-sens

Type de publication Communication

Type Communication sans actes dans un congrès

Année 2016

Langue Français

Date du colloque 19/01/2016

Titre du colloque Grands Graphes et Bioinformatique - Atelier de la 16ème Conférence Internationale Francophone sur l'Extraction et la Gestion des Connaissances (EGC'16)

Auteur Legeay, Marc [1], Duval, Béatrice [2]

Pays France

Ville Reims

Résumé en français Un des problèmes clés en bioinformatique est de comprendre les mécanismes de régulation au sein d'une cellule. Notre travail concerne l'étude des réseaux de gènes chez le pommier, avec la particularité d'y intégrer les acteurs encore mal connus que sont les ARN anti-sens. Pour explorer l'impact des transcrits anti-sens, nous proposons ici la comparaison des deux réseaux obtenus par une méthode d'inférence très conservative. Nous pouvons ainsi étudier les interactions directes entre les gènes qui sont modifiées si l'on fait intervenir les transcrits anti-sens dans la méthode d'inférence. Un ensemble de motifs caractéristiques autour de ces modifications permet de révéler des ensembles d'acteurs sens et anti-sens intéressants.

URL de la notice <http://okina.univ-angers.fr/publications/ua15215> [3]

Lien vers le document en ligne http://egc2016.univ-reims.fr/index.php/Ateliers_EGC2016 [4]

Liens

[1] <http://okina.univ-angers.fr/marc.legeay/publications>

[2] <http://okina.univ-angers.fr/beatrice.duval/publications>

[3] <http://okina.univ-angers.fr/publications/ua15215>

[4] http://egc2016.univ-reims.fr/index.php/Ateliers_EGC2016

Publié sur *Okina* (<http://okina.univ-angers.fr>)