

# Traductopheno : Prédire le phénotype cellulaire à la lumière du traductome

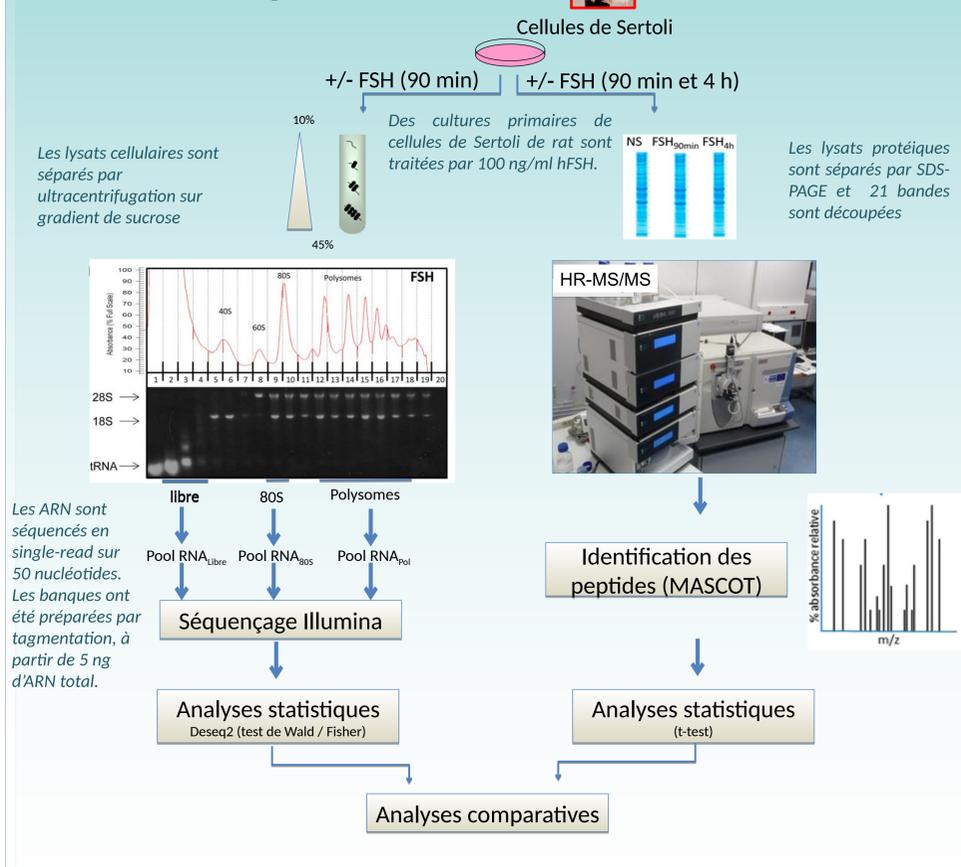
## Problématique

La cellule est un système adaptatif très complexe, et la prédiction du phénotype qu'elle exprime est un véritable défi scientifique. Pour prédire ce phénotype, il est nécessaire de combiner plusieurs approches systémiques, notamment pour confronter le transcriptome à l'efficacité de traduction des ARNm et finalement au niveau de protéines réellement produites. La mise en regard de plusieurs jeux de données de nature différente pose des questions statistiques et méthodologiques encore non résolues.

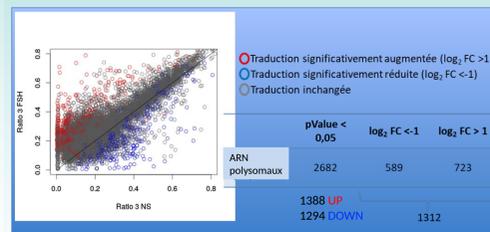
Le traductome (quantification individuelle des ARNm recrutés aux ribosomes) et le protéome induit par l'hormone folliculo-stimulante (FSH) dans son tissu-cible, la cellule de Sertoli de rat mâle, ont été obtenu par notre équipe. Le transcriptome correspondant a été publié par d'autres.

Notre objectif est donc de confronter les résultats de transcriptome et traductome au protéome réel de la cellule de Sertoli sous l'influence de la FSH.

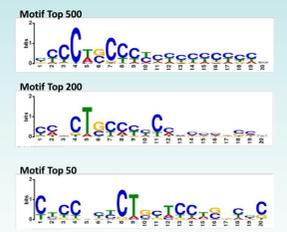
## Démarche expérimentale



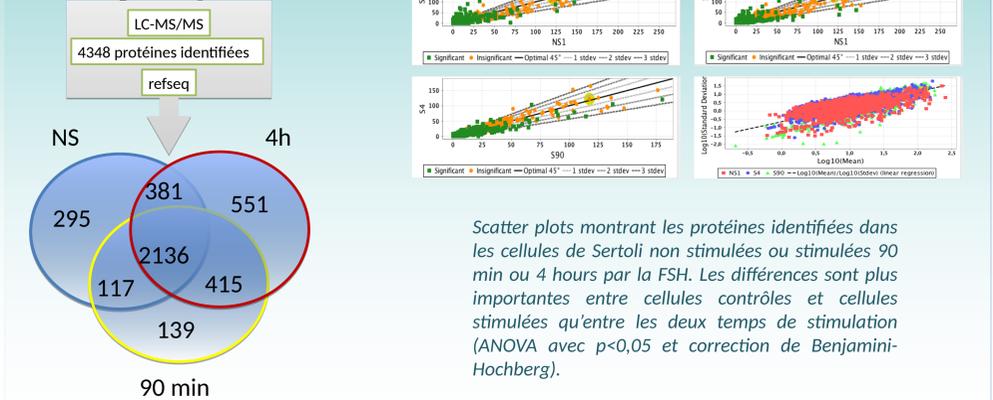
## Analyse traductome



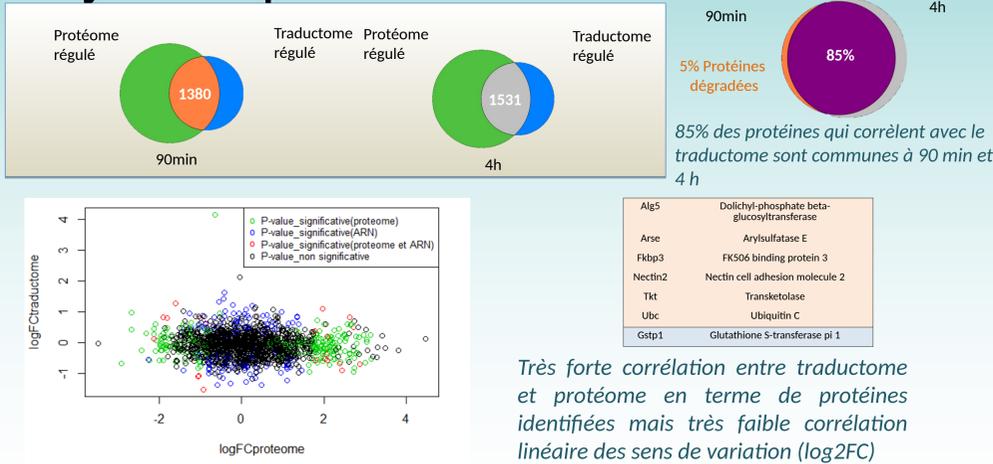
| catégorie     | condition              | FC                      |             |
|---------------|------------------------|-------------------------|-------------|
| Pol           | NS                     | FSH                     | Log2FCpol   |
| transcriptome | NS                     | FSH                     | Log2FCtrans |
|               | Log2(R <sub>NS</sub> ) | Log2(R <sub>FSH</sub> ) |             |



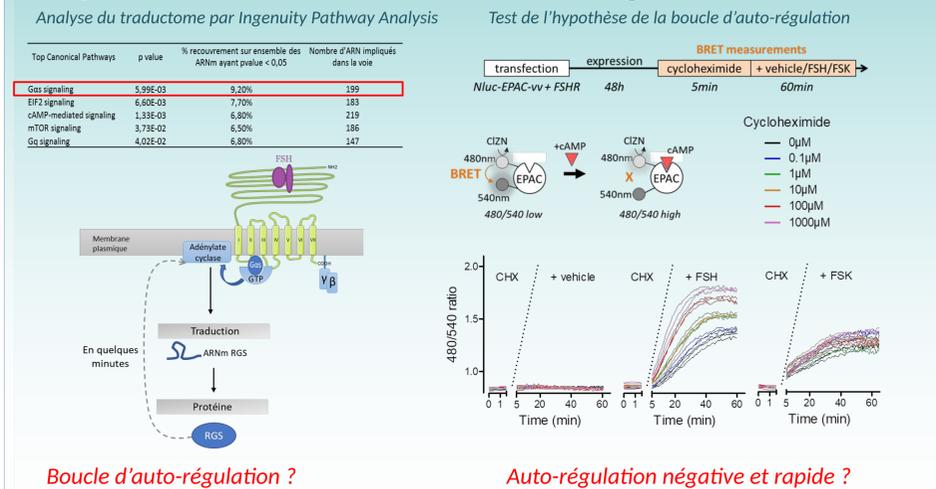
## Analyse protéome



## Analyses comparatives



## Amplification des modules de signalisation FSH



## Conclusions

- ✓ Premier protéome et premier traductome FSH en cellule primaire
- ✓ Difficulté à corréler les données quantitativement mais validation qualitative
- ✓ Vers une possible boucle d'auto-régulation négative de la voie de signalisation du FSHR par traduction localisée ?

## Perspectives

- ✓ Modification du seuillage module-t-il le niveau de corrélation ? Corrélation non-linéaire ?
- ✓ Modèle dynamique réduit sur l'amplification de la voie Gs via la traduction de ses composantes

## Remerciements

Nous remercions les membres de l'équipe Biologie et Bioinformatique des Systèmes de Signalisation, la plateforme PIXANIM, Patrick Cormier, et le Département PHASE pour avoir soutenu ce projet.