



HAL
open science

Origine des Spécificités Phénotypiques de la Levure œnologique a travers une Approche Génomique

Cyprien Guerin Guérin, Helene H. Chiapello, Pierre P. Nicolas

► To cite this version:

Cyprien Guerin Guérin, Helene H. Chiapello, Pierre P. Nicolas. Origine des Spécificités Phénotypiques de la Levure œnologique a travers une Approche Génomique. JOBIM 2010 - Journées Ouvertes en Biologie, Informatique et Mathématiques, Sep 2010, Montpellier, France. pp.184. hal-02751369

HAL Id: hal-02751369

<https://hal.inrae.fr/hal-02751369>

Submitted on 3 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Origine des Spécificités Phénotypiques de la Levure Œnologique à travers une Approche Génomique

Cyprien GUÉRIN, Hélène CHIAPELLO, Pierre NICOLAS

Saccharomyces cerevisiae :

- Levure modèle de laboratoire référence, premier eucaryote séquencé.
- Levure œnologique :
 - Initiation fermentation alcoolique en industrie.
 - Spécificités phénotypiques très bien connues.
 - Séquençage récent du génome.

Objectifs de ce travail :

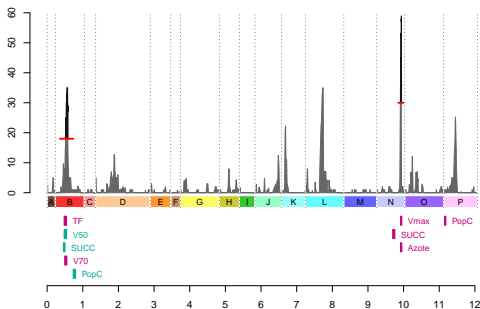
- Déterminer l'**origine génétique des caractéristiques phénotypiques œnologiques**.
- Proposer une **liste de gènes candidats** portant des mutations causales.

Données de départ disponibles (Collaboration SPO, INRA Montpellier) :

- **QTL** et **eQTL**, en condition de **fermentation alcoolique**.
- Génome et annotation de la référence, séquences *NGS* levure de vin.
- Phénotypes d'intérêts fermentaires.

QTL et eQTL disponibles, laboratoire/œnologique

- QTL : **Régions** du génome impliquées dans des **variations de traits quantitatifs** (phénotypes), liés à la fermentation alcoolique.
- eQTL : implication dans des variations de l'**expressions des gènes**.

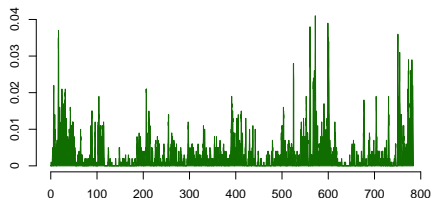


- **Deux régions** d'intérêt identifiées par **colocalisation QTL/eQTL**.
- **32 et 16 gènes candidats** dans ces régions.
- Hypothèse : Les **mutations causales** sont présentes dans un des gènes de ces deux régions.

Analyse du polymorphisme de la souche œnologique

Séquençage souche œnologique :

- Illumina/Solexa 2x35 nucléotides "*paired-end*".
- **Assemblage** sur la **référence** de **laboratoire** (*Mapping*) : **MAQ**
- **≈47 000 polymorphismes** détectés (densité hétérogène).



Nom des éléments fonctionnels	Pourcentage d'éléments fonctionnels modifiés (Nbr modif / Nbr total)
Gène	76,22 % (5 012 / 6 576)
Pseudogène	57,14 % (12 / 21)
ARNt	8,73 % (24 / 275)
ARNr	4,00 % (1 / 25)
Site de régulation	1,77 % (54 / 3 057)
Protéines	60,48 % (3 977 / 6 576)

Forte divergence entre les deux souches :

- **15 et 5 gènes polymorphes** dans les deux régions d'intérêts.

Analyse populationnelle : corrélation Phénotype/Génotype

Utilisation d'une population de 36 levures (dont de laboratoire et de vin) :

- **Distribution allélique** des **sites polymorphes** (Génotypes).
- **Mesures** des **propriétés fermentaires** (Phénotypes).
- Test statistique de **corrélation Phénotype/Génotype** (ANOVA).

$$y_s = \mu + \gamma_{g(s)} + \varepsilon$$

$$\begin{cases} H_0 : \gamma_{g(s)} = 0, \forall g(s) \\ H_1 : \exists g(s) \neq g(s') \text{ tel que } \gamma_{g(s)} \neq \gamma_{g(s')} \end{cases}$$

- y : le phénotype testé
- s : une souche donnée
- μ : un phénotype moyen
- g : le génotype (un site acide aminé)
- $\gamma_{g(s)}$: l'effet du génotype
- ε : un bruit $\varepsilon \sim \mathcal{N}(0, \sigma^2)$

Un test par site polymorphe et calcul du seuil de significativité par permutations :

- **2 et 1 gènes candidats ciblés.**

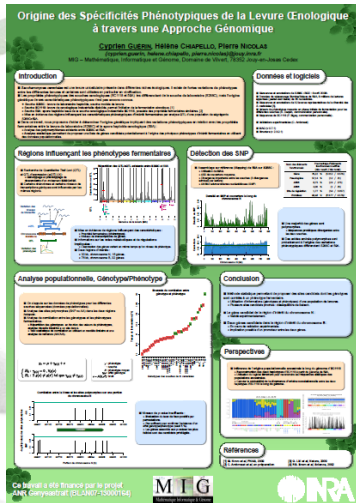
Validation expérimentale :

- **Le gène candidat** du chromosome N **validé**.
- Les 2 gènes candidats du chromosome B sont en cours de validation (implication possible de promoteurs).

Perspectives :

- **Inférence** de l'**origine populationnelle** le long du génome de la levure œnologique (logiciel **Structure**).

Poster 13



Collaboration : C. Ambroset, I. Sanchez, F. Bigey, S. Dequin, B. Blondin (SPO, INRA Montpellier)

Ce travail a été financé par le projet ANR Genyeastrain (BLAN07-13000164)