



HAL
open science

Traitement d'image 4D (espace + temps) pour caractérisation quantitative de la croissance et de la déconstruction des plantes

Yassin Refahi, Gabriel Paës, Jan Traas, Henrik Jönsson

► **To cite this version:**

Yassin Refahi, Gabriel Paës, Jan Traas, Henrik Jönsson. Traitement d'image 4D (espace + temps) pour caractérisation quantitative de la croissance et de la déconstruction des plantes. 10.Journées Scientifiques et Techniques du Réseau des Microscopistes de l'INRAE, Nov 2021, Tours, France. hal-03637125

HAL Id: hal-03637125

<https://hal.inrae.fr/hal-03637125>

Submitted on 11 Apr 2022

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.

Traitement d'image 4D (espace + temps) pour caractérisation quantitative de la croissance et de la déconstruction des plantes

Yassin Refahi^{*a}, Gabriel Paës^a, Jan Traas^b, Henrik Jönsson^c

^a *Fractionation of AgroResources and Environment (FARE) laboratory, INRAE, University of Reims Champagne Ardenne, Reims, France*

^b *Laboratoire RDP, Université de Lyon 1, ENS-Lyon, INRAE, CNRS, UCBL, 69364 Lyon, France*

^c *The Sainsbury Laboratory, University of Cambridge, Bateman Street, Cambridge CB2 1LR, UK*

* yassin.refahi@inrae.fr

L'imagerie 4D (espace + temps) s'est imposée comme un outil puissant pour collecter des informations quantitatives sur les processus biochimiques et sur leurs évolutions. Pour traiter les données et extraire les informations quantitatives, des outils de traitement d'images sont nécessaires afin de développer des modèles mathématiques permettant de déchiffrer et de prédire les aspects non intuitifs des processus biochimiques.

Pour caractériser la croissance des cellules dans un contexte multicellulaire, nous avons développé un pipeline d'imagerie 4D qui nous a permis de suivre et de quantifier les cellules dans les méristèmes d'*Arabidopsis thaliana*. Les résultats nous ont permis de réfuter l'hypothèse non examinée selon laquelle les cellules de meristem se divisent à une taille critique ou après qu'une période de temps fixe s'est écoulée. Nous avons montré que les cellules suivaient une règle de régulation de la taille qui est intermédiaire entre la division à une taille critique et l'ajout d'un incrément critique [1]. Nous avons ensuite utilisé le pipeline d'imagerie pour étudier le lien entre la régulation des gènes et la croissance pendant le développement des fleurs d'*Arabidopsis* et nous avons généré un atlas 4D du développement de fleur incluant les taux de croissance cellulaire et les patrons d'expression de gènes. En utilisant des modèles mathématiques, nous avons constaté que le réseau de régulation génétique extrait de la littérature n'expliquait qu'une minorité des patrons d'expression. Cela a été considérablement amélioré en ajoutant des hypothèses d'interaction des gènes. Une étude corrélative entre la croissance et l'expression des gènes nous a permis de proposer des hypothèses sur le rôle des gènes dans la morphogenèse [2]. Nous avons ensuite adapté le pipeline d'imagerie 4D pour étudier la déconstruction de la biomasse lignocellulosique au cours de l'hydrolyse enzymatique qui peut être considérée comme le mécanisme opposé par rapport à la croissance [3]. Un défi à surmonter était la dégradation de la paroi cellulaire pendant l'hydrolyse qui rendait les algorithmes de segmentation classiques inadaptés. Donc, une méthode innovante a été développée qui utilise la segmentation avant l'hydrolyse pour calculer les segmentations pendant l'hydrolyse. Les quantifications ont suggéré des corrélations quantitatives reliant les marqueurs de déconstruction à travers les échelles.

Les outils de quantification sont intégrés dans un logiciel de manipulation et d'analyse d'images 4D, appelée BIOMODLAB qui intègre divers composants pour visualiser et

analyser des jeux de données 4D fournissant une interface unique pour obtenir des données quantitatives précises requises pour l'analyse et la modélisation des processus biologiques et biochimiques.

[1] Willis, L., Refahi Y., et al. "Cell size and growth regulation in the Arabidopsis thaliana apical stem cell niche."

Proceedings of the National Academy of Sciences 113.51 (2016): E8238-E8246. DOI: [10.1073/pnas.1616768113](https://doi.org/10.1073/pnas.1616768113)

[2] Refahi, Y., et al. "A multiscale analysis of early flower development in Arabidopsis provides an integrated view of molecular regulation and growth control." *Developmental Cell* 56.4 (2021): 540-556.

DOI: [10.1016/j.devcel.2021.01.019](https://doi.org/10.1016/j.devcel.2021.01.019)

[3] Zoghalmi, A., et al. "Multimodal characterization of acid-pretreated poplar reveals spectral and structural parameters strongly correlate with saccharification." *Bioresource technology* 293 (2019): 122015.

DOI: [10.1016/j.biortech.2019.122015](https://doi.org/10.1016/j.biortech.2019.122015)

Biographie

Yassin Refahi a obtenu son doctorat en informatique de l'Université de Montpellier en 2011. Il a fait sa thèse dans l'Equipe Projet INRIA Virtual Plants sous la direction de Christophe Godin (INRIA) sur la modélisation multiéchelle des perturbations de la phyllotaxie d'*Arabidopsis thaliana*. Après un post-doctorat avec Jan Traas (ENS Lyon), Yassin était "research associate" dans l'équipe de Henrik Jönsson, Sainsbury Laboratory, Cambridge, Royaume-Uni. Depuis, 2017, Yassin est chargé de Recherche à l'UMR FARE, Reims et il utilise une combinaison de la modélisation 4D (espace + temps) multi-échelles et de traitement d'image 4D (espace + temps) afin d'améliorer notre compréhension de la déconstruction de la biomasse lignocellulosique.

