

Structure 3D de la chromatine et analyse de données Hi-C

Résumé

Dans le noyau d'une cellule animale ou végétale, la conformation tridimensionnelle du génome a un impact majeur sur son fonctionnement, affectant des processus clés comme la différenciation cellulaire, le développement embryonnaire ou la survie de l'organisme. Il est connu que les structures 3D régulant ces processus s'organisent de façon hiérarchique à divers niveaux d'échelle : boucles d'ADN, domaines topologiques, compartiments génomiques, territoires chromosomiaux. Cependant, la dynamique multi-échelle de ces structures et de leurs interactions est peu connue, limitant ainsi notre compréhension des liens entre structure et fonction du génome. Or, les progrès récents en biologie moléculaire ont permis de changer la façon d'étudier l'organisation spatiale des chromosomes, notamment grâce à la technologie de séquençage d'ADN dite Hi-C (« High-throughput chromosome conformation capture »). Une particularité des expériences Hi-C est de générer des données sous forme de matrices, comptabilisant des interactions entre régions du génome proches dans l'espace 3D du noyau. L'analyse d'une telle matrice d'interactions permet de détecter les structures 3D (boucles, domaines, compartiments) présentes au sein d'un échantillon biologique et fournit de nouveaux challenges interdisciplinaires en biologie cellulaire et génétique moléculaire, en mathématiques et statistique, en bioinformatique et informatique et en physique des polymères.

L'objectif du mini-symposium est de rassembler une communauté interdisciplinaire pour promouvoir les échanges scientifiques autour de l'analyse comparative de données de génomique 3D, afin de présenter les challenges et méthodes d'analyse de données Hi-C permettant de mieux comprendre les liens entre structure et fonction du génome.

Ce symposium est financé par le réseau ChrocoNet du métaprogramme INRAE DIGIT-BIO et co-organisé avec le GDR ADN du CNRS.

Programme

14h-14h15 : Sylvain Foissac (GenPhySE, INRAE, Toulouse) & Jean-Marc Victor (LPTNC, CNRS, Paris)

Présentation des initiatives ChrocoNet et GDR ADN sur la conformation 3D de la chromatine

14h15-14h50 : Yad Ghavi-Helm (IGFL, CNRS, Lyon)

Régulation 3D de l'expression génique durant le développement de la drosophile

14h50-15h25 : Salari Hossein (LPENS, CNRS, Lyon)

Rigidification du chromosome lors de l'extrusion de boucle

15h25-16h00 : Jacques Serizay (Institut Pasteur X ENS, Paris)

Intégrer les données Hi-C dans des analyses multi-omics

