



Développement et mise en œuvre d'approches d'apprentissage pour l'étude des modifications de l'ARN en lien avec l'adaptation au changement climatique chez *Arabidopsis thaliana*

PEPR Agroécologie & Numérique – 2026

Axe 4 : *Traitement des données et modélisation*



PROGRAMME
DE RECHERCHE

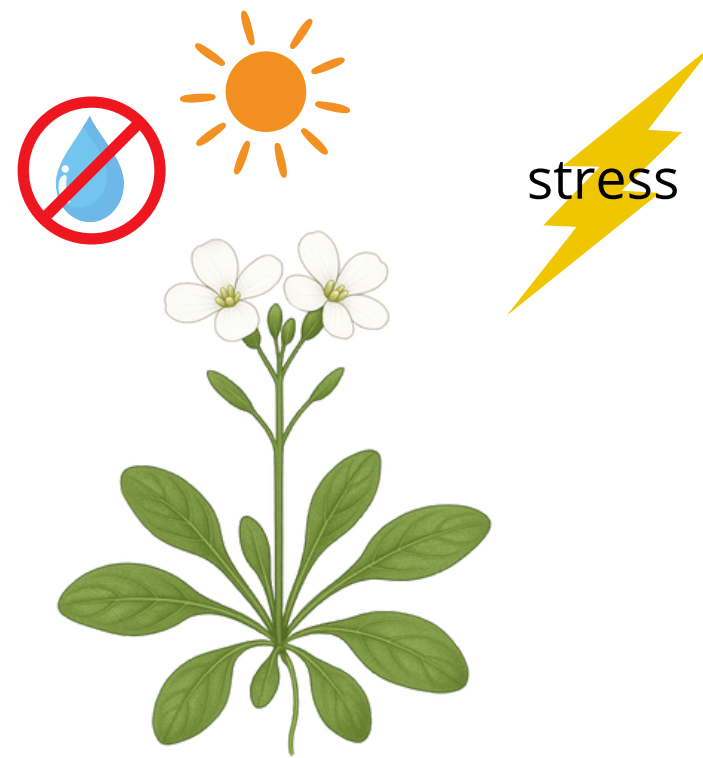
AGROÉCOLOGIE
ET NUMÉRIQUE

Équipe

- **Emma Rodriguez**, emma.rodriguez@inrae.fr
- Christine Gaspin, INRAE MIAT, christine.gaspin@inrae.fr
- Julio Saez-vasquez, CNRS, LGDP, saez@univ-perp.fr

Modifications de l'ARN et régulation chez les plantes

Plante modèle



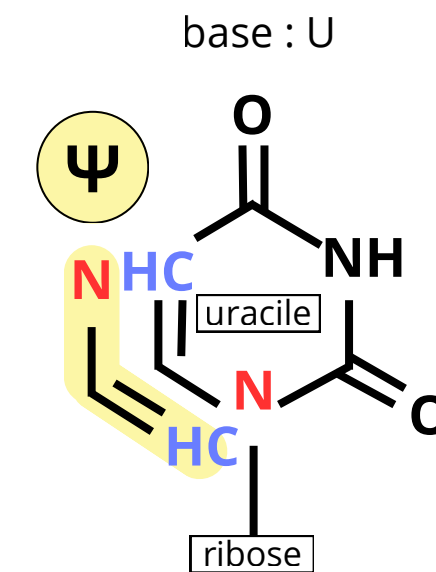
A. thaliana

→
réponse
rapide

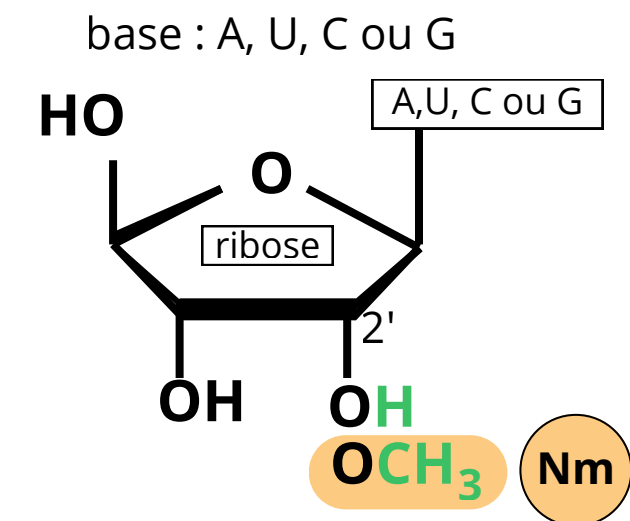
Modification chimique de l'ARN

> 170 modifications connues

Deux exemples :



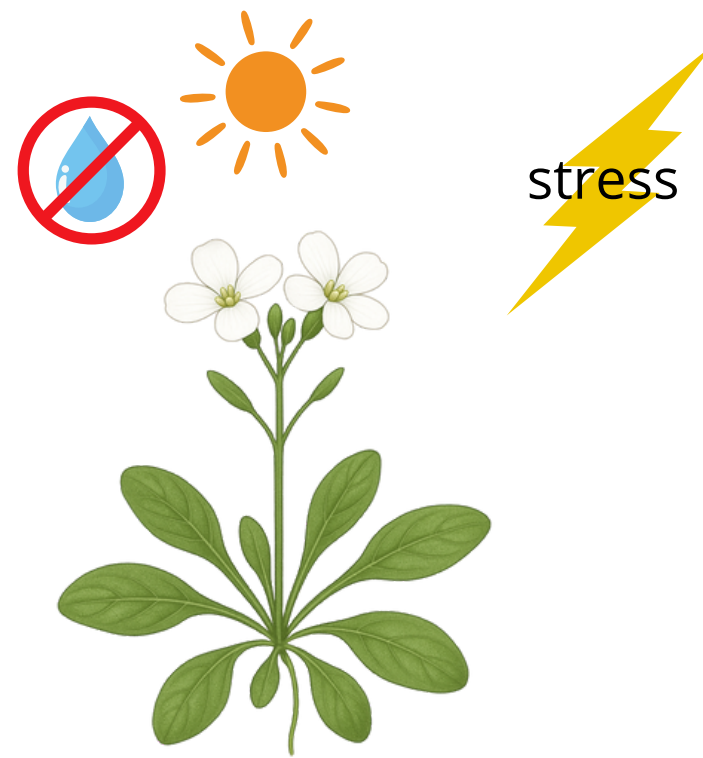
pseudo-uridylation
(Ψ)



2'-O-méthylation
(Nm)

Modifications de l'ARN et régulation chez les plantes

Plante modèle



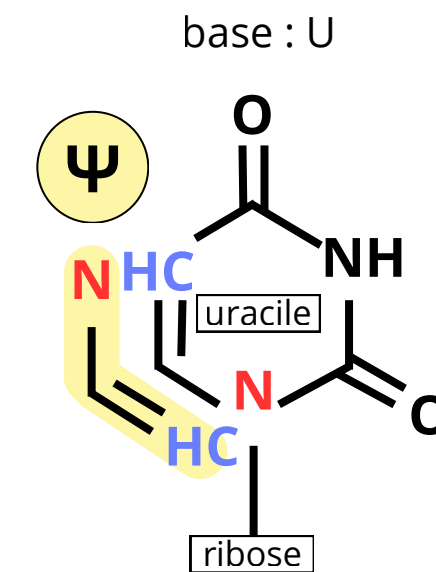
A. thaliana



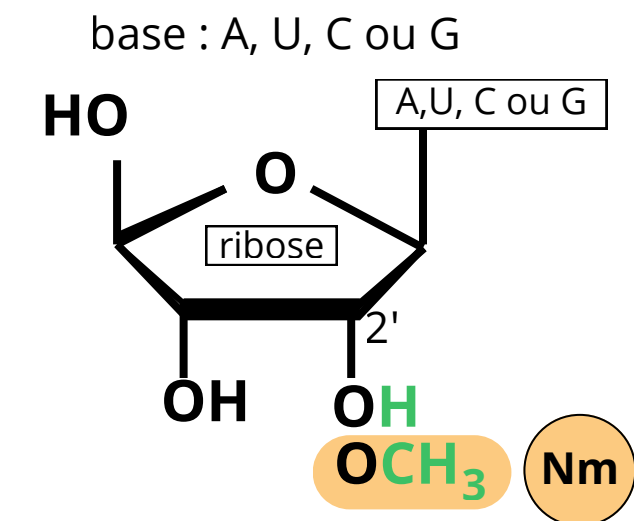
Modification chimique de l'ARN

> 170 modifications connues

Deux exemples :



pseudo-uridylation
(Ψ)



2'-O-méthylation
(Nm)

Intérêt du projet

Peu étudiées chez les plantes, malgré un rôle démontré dans :
tolérance au stress – regulation dynamique – expression génique

Du signal ARN à l'identification de génotypes plus résilients

Consortium

Données de séquençage

- **IMoPA (CNRS)** – V.Marchand, I.Motorine (lectures courtes, RiboMethSeq / HydraPsiSeq)
- **Plateforme GeT (INRAE)** (lectures longues, Nanopore)

Apprentissage automatique

- **MIAT (INRAE)** – B.Charlier, **C.Gaspin**, N.Vialaneix
- **IMAG (CNRS)** – A.Cleynen

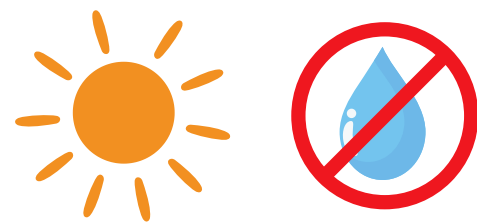
Réponse au stress

- **LGDP (CNRS)** – **J.Saez-vasquez** (*A. thaliana*)
- **LIPME (INRAE)** – C.Donnadieu, N.Langlade, M.Moroldo, N.Pouilly (Tournesol) **DIGIT-BIO**



Applications agronomiques

Marqueurs fonctionnels de tolérance



Caractériser des génotypes végétaux



Sélection variétale agroécologique

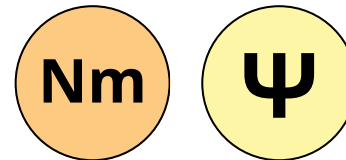


Deux axes : rôles et détection des modifications

Objectifs biologiques

- **Effets de deux modifications –**

(Azevedo-Favory *et al.*, 2021)

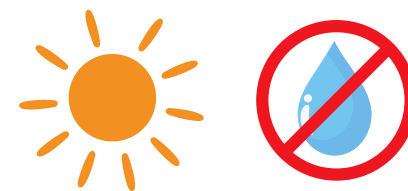


- **Type d'ARN étudié**

- ARN ribosomique
- ARN messenger

- **Différentes conditions –**

(Darrière *et al.*, 2022 ; Muñoz-Díaz *et al.*, 2024)

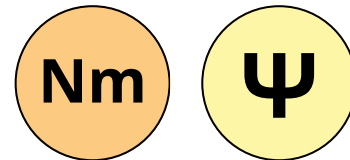


Deux axes : rôles et détection des modifications

Objectifs biologiques

- **Effets de deux modifications –**

(Azevedo-Favory *et al.*, 2021)

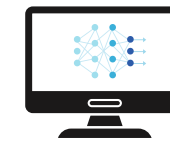
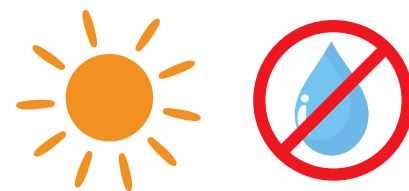


- **Type d'ARN étudié**

- ARN ribosomique
- ARN messenger

- **Différentes conditions –**

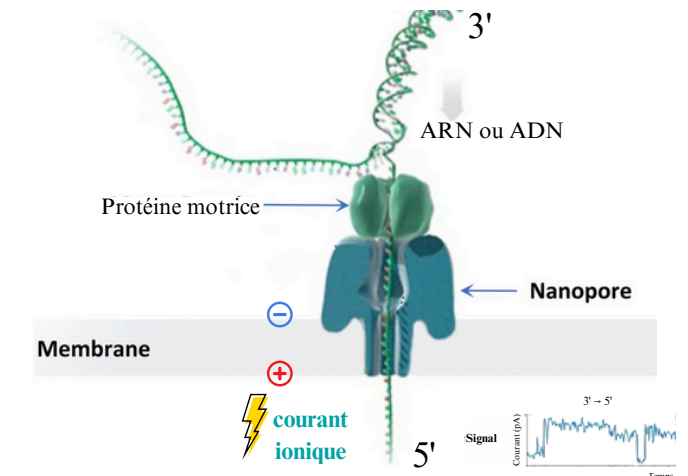
(Darrière *et al.*, 2022 ; Muñoz-Díaz *et al.*, 2024)



Objectifs méthodologiques

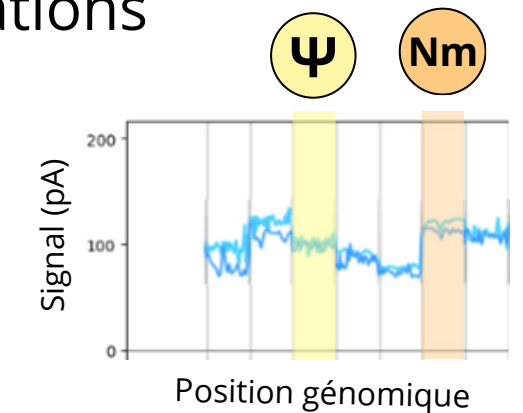
- **Traitement automatique des données Nanopore**

(Furlan *et al.*, 2021)



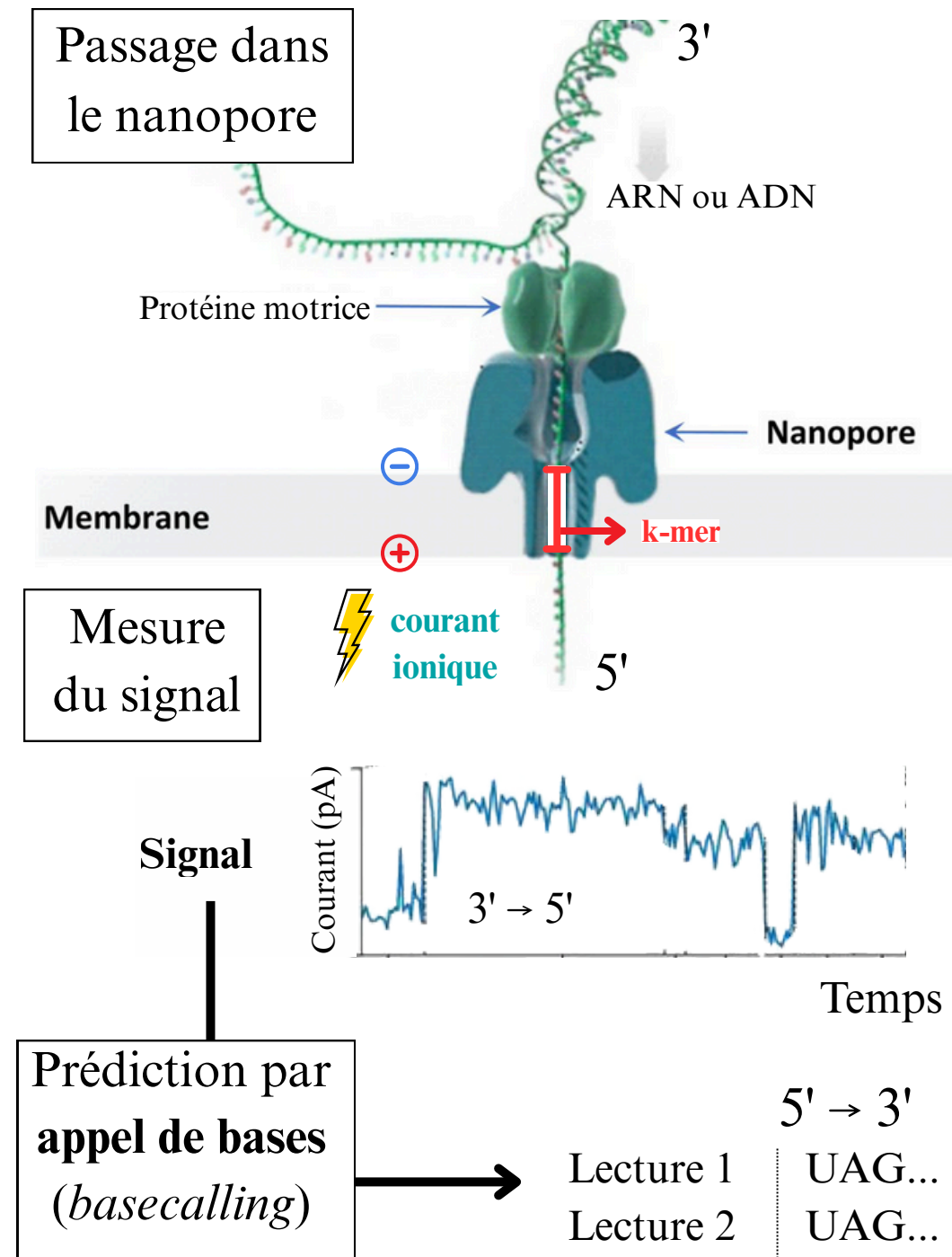
(adapté de fig 2 ; Midha *et al.*, 2019)

- **Classification supervisée des modifications**



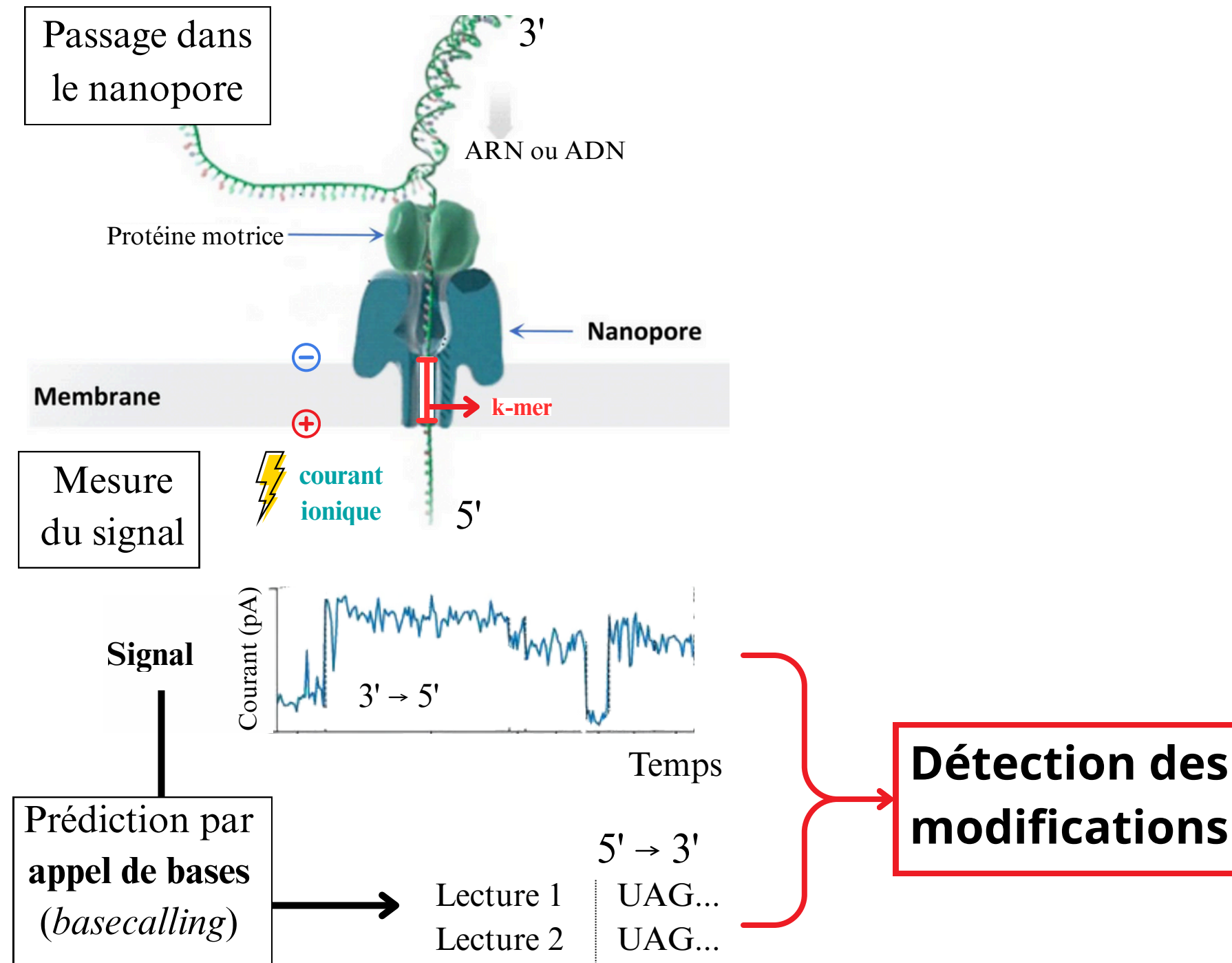
- **Lever les verrous de détection et quantification automatique**

Analyse des signaux Nanopore: bruit, interactions, contexte



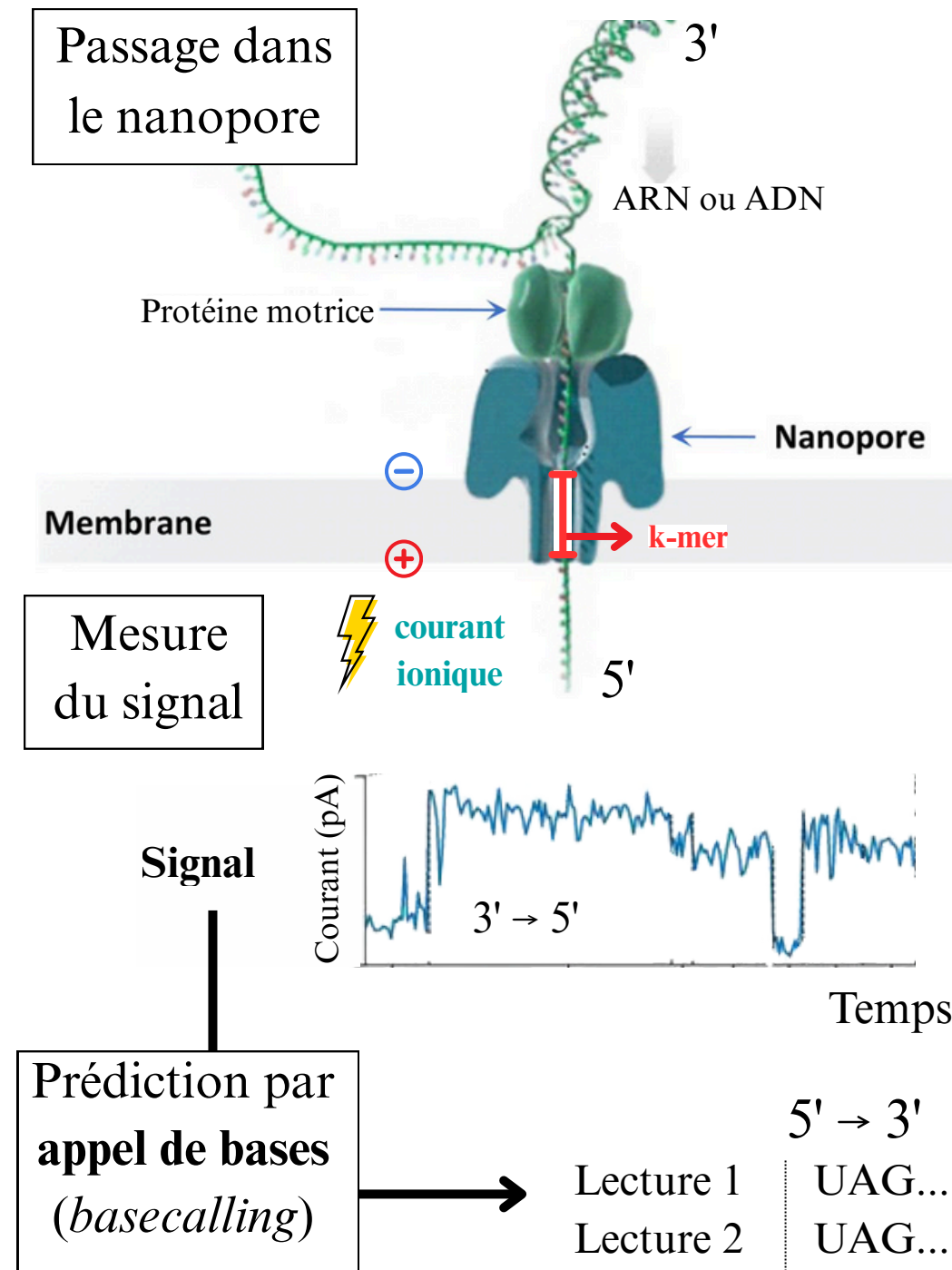
(adapté de fig 2 ; Midha *et al.*, 2019)

Analyse des signaux Nanopore: bruit, interactions, contexte



(adapté de fig 2 ; Midha *et al.*, 2019)

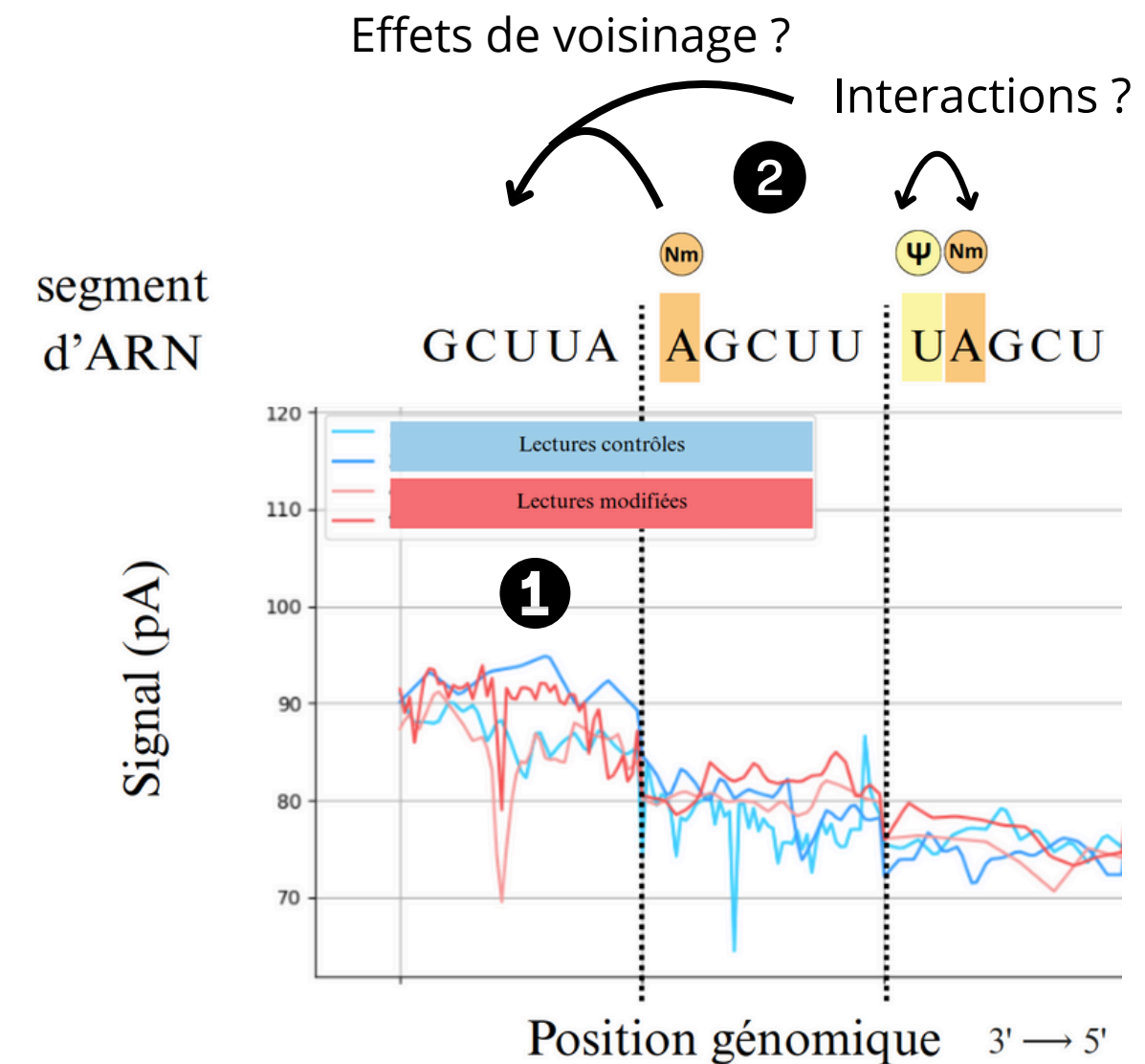
Analyse des signaux Nanopore: bruit, interactions, contexte



(adapté de fig 2 ; Midha *et al.*, 2019)

Verrous actuels

- 1 Acquisition bruitée des données (Furlan *et al.*, 2021)
- 2 Ignorent les effets de voisinage et les interactions

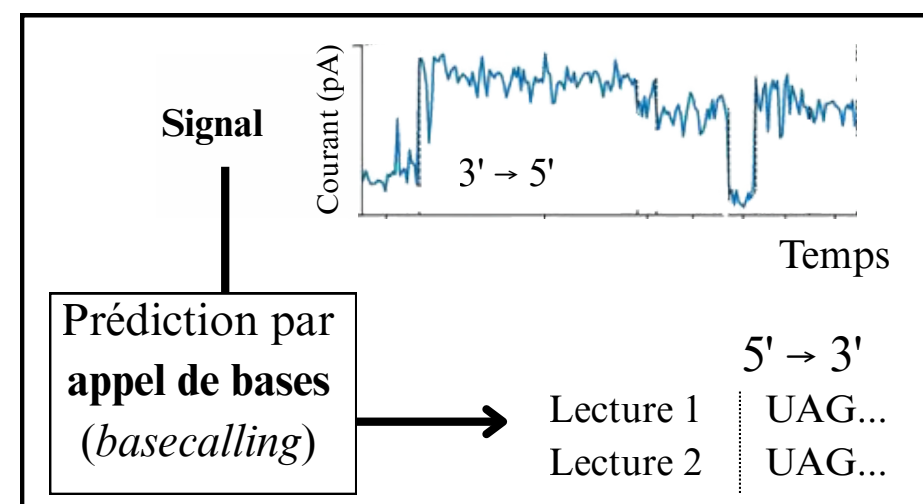


Des données pour prédire les modifications dans des contextes de stress

Échantillons : Sauvage, mutant, stress

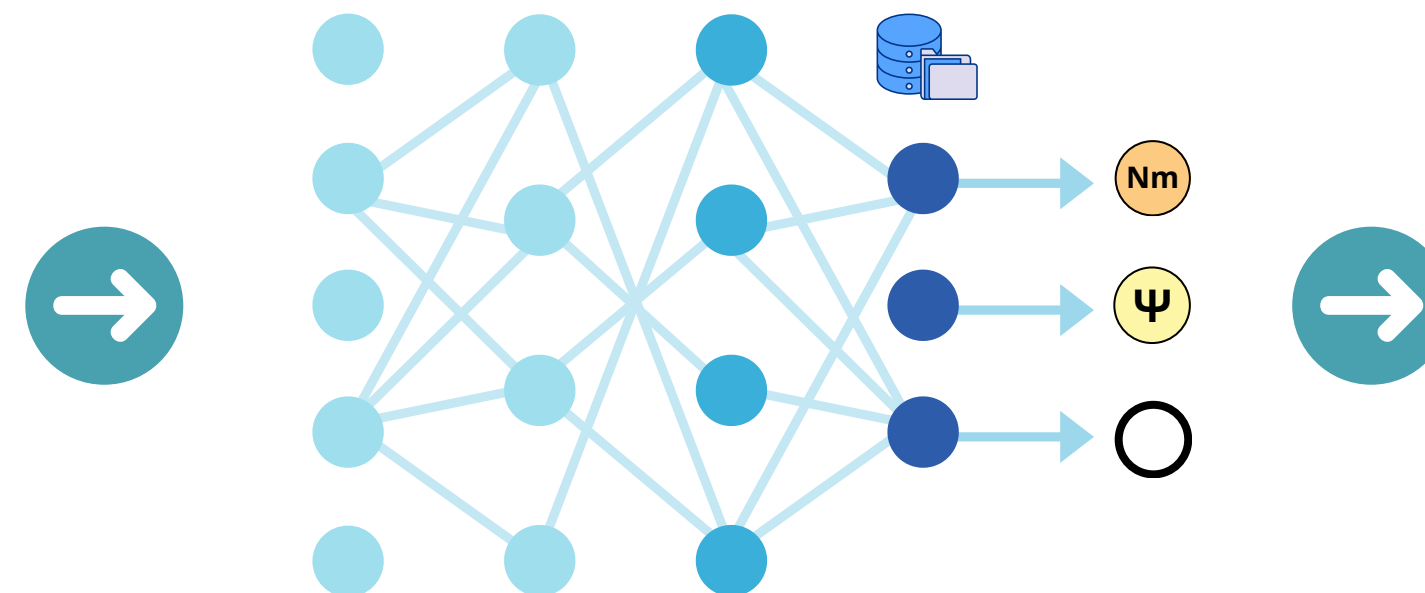
Données ARN direct

Nanopore (Lectures longues)



(adapté de fig 2 ; Midha *et al.*, 2019)

Apprentissage supervisé



(Furlan *et al.*, 2021)

Cible de prédiction

**Sites modifiés connus
& Stœchiométrie**

RiboMethSeq / HydraPsiSeq

(Lectures courtes)

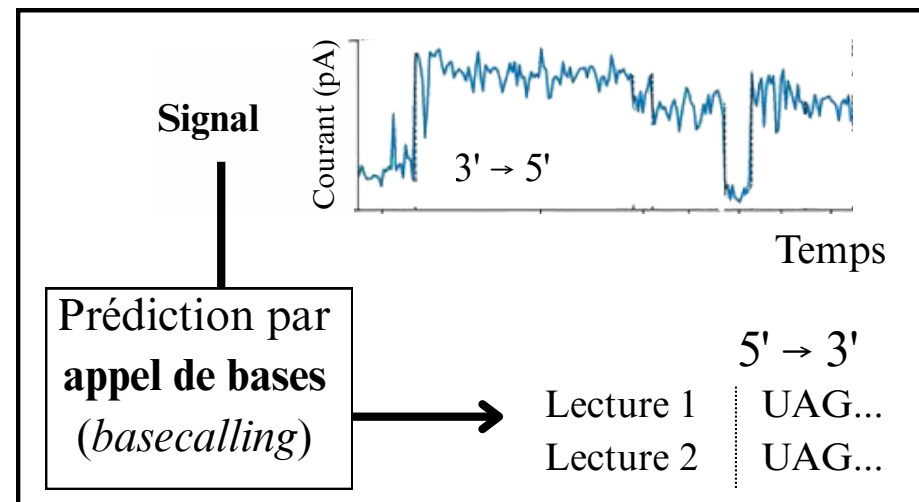
(Azevedo-Favory *et al.*, 2021)

Des données pour prédire les modifications dans des contextes de stress

Échantillons : Sauvage, mutant, stress

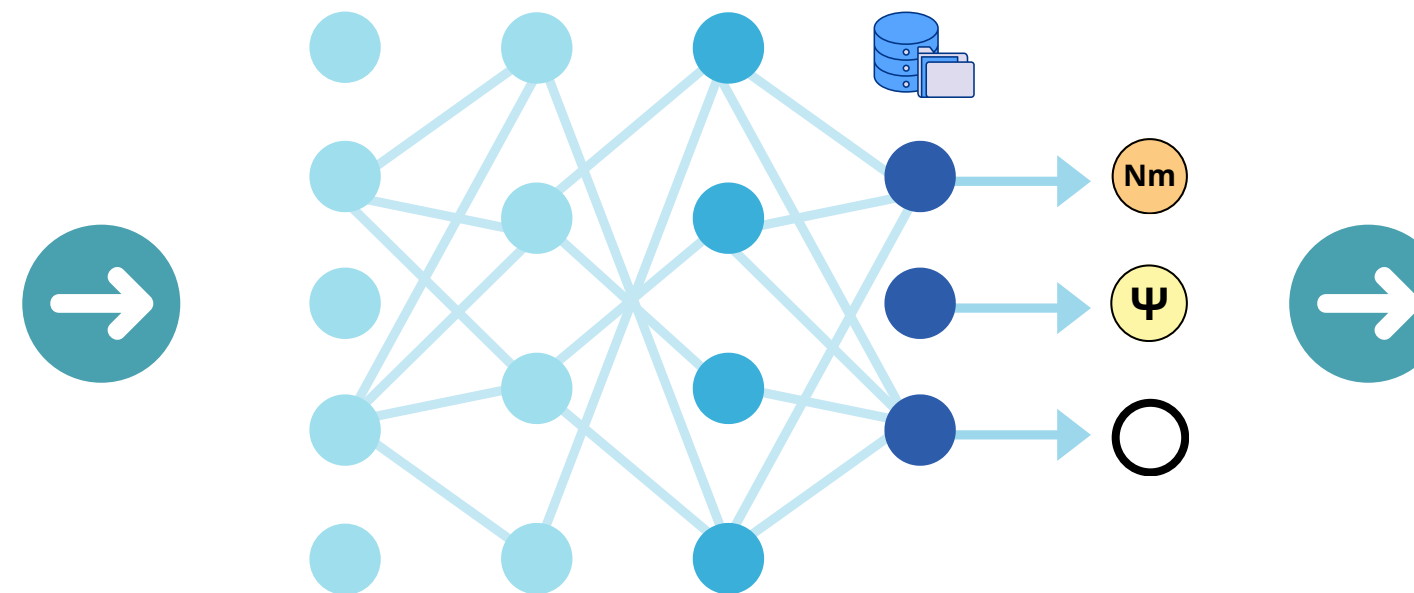
Données ARN direct

Nanopore (Lectures longues)



(adapté de fig 2 ; Midha *et al.*, 2019)

Apprentissage supervisé



(Furlan *et al.*, 2021)

Cible de prédiction

**Sites modifiés connus
& Stœchiométrie**

RiboMethSeq / HydraPsiSeq

(Lectures courtes)

(Azevedo-Favory *et al.*, 2021)



Originalité – Prise en compte des interactions et des effets de voisinage entre modifications



Merci pour votre attention



PROGRAMME
DE RECHERCHE
AGROÉCOLOGIE
ET NUMÉRIQUE



Références

- **(Neumann et al., 2024)** - Neumann SA, Gaspin C, Sáez-Vásquez J. Plant ribosomes as a score to fathom the melody of 2'-O-methylation across evolution. *RNA Biol.* 2024 Jan;21(1):70-81.
- **(Bures et al., 2023)** - Bures A, Jobet E, Barbarossa A, Carpentier MC, Aarts MGM, Attina A, Hirtz C, David A, Marchand V, Motorin Y, Curie C, Mari S, Reichheld JP, Sáez-Vásquez J. NICOTIANAMINE SYNTHASE activity affects nucleolar iron accumulation and impacts rDNA silencing and RNA methylation in Arabidopsis. *J Exp Bot.* 2023 Aug 17;74(15):4384-4400.
- **(Azevedo-Favory et al., 2021)** - Azevedo-Favory J, Gaspin C, Ayadi L, Montacié C, Marchand V, Jobet E, Rompais M, Carapito C, Motorin Y, Sáez-Vásquez J. Mapping rRNA 2'-O-methylations and identification of C/D snoRNAs in Arabidopsis thaliana plants. *RNA Biol.* 2021 Nov;18(11):1760-1777.
- **(Darrière et al., 2022)** - Darriere T, Jobet E, Zavala D, Escande ML, Durut N, de Bures A, Blanco-Herrera F, Vidal EA, Rompais M, Carapito C, Gourbiere S, Sáez-Vásquez J. Upon heat stress processing of ribosomal RNA precursors into mature rRNAs is compromised after cleavage at primary P site in Arabidopsis thaliana. *RNA Biol.* 2022;19(1):719-734.
- **(Muñoz-Díaz et al., 2024)** - Muñoz-Díaz E, Fuenzalida-Valdivia I, Darrière T, de Bures A, Blanco-Herrera F, Rompais M, Carapito C, Sáez-Vásquez J. Proteomic profiling of Arabidopsis nuclei reveals distinct protein accumulation kinetics upon heat stress. *Sci Rep.* 2024 Aug 14;14(1):18914
- **(Furlan et al., 2021)** - Furlan M, Delgado-Tejedor A, Mulroney L, Pelizzola M, Novoa EM & Leonardi T (2021). Computational methods for RNA modification detection from nanopore direct RNA sequencing data. *RNA Biol* 18: 31–40
- **(Midha et al., 2019)** - Midha MK, Wu M & Chiu K-P (2019) Long-read sequencing in deciphering human genetics to a greater depth. *Hum Genet* 138: 1201–1215