

# **Tendances dans les expressions de gènes : application à l'analyse du transcriptome de *Plasmodium Falciparum* \***

Philippe Collet\*\*, Vincent Derozier, Gérard Dray,  
François Troussset, Pascal Poncelet, Michel Crampes

EMA/LGI2P

Ecole des Mines d'Alès

Site EERIE, Parc Scientifique Georges Besse

30035 Nîmes, cedex 1, France

{Prénom.Nom}@ema.fr

**Résumé.** L'étude de l'expression des gènes est depuis quelques années révolutionnée par les puces à ADN. Les méthodes habituellement mises en œuvre pour analyser ces données s'appuient sur des algorithmes de partitionnement, comme les clustering hiérarchiques, et sur une hypothèse communément admise qui associe à un ensemble de profils d'expression similaires, une fonction identique. Cette analyse étudie l'ensemble des gènes sans distinction. L'approche que nous proposons deux catégories de gènes : connus ou putatifs. Pour chaque gène n'ayant pas d'information rattachée, nous étudions son voisinage afin d'y trouver des motifs fréquents (itemsets). Ensuite, l'Analyse est guidée par l'interprétation biologique afin de faire émerger des propriétés intéressantes.

Un premier jeu de test sur *Plasmodium Falciparum* (agent de la Malaria) nous a permis de mettre en évidence, en nous intéressant aux items relatifs à la glycolyse, un transporteur de nucléosides qui intervient au niveau énergétique dans la phase ring (précoce) du parasite.

**Summary.** Gene expression studies have been tremendously changed by DNA arrays technology. Based on the sentence « same profil, same function », several algorithms have been developped such as partioning or hierarchical clustering. However, genes are taken as a whole. In this paper, genes are sorted by their cellular gene function, giving two classes of genes (known and putatives). Thus, frequent items are searched in the neighbourhood of each unknown genes, and gives clues about their hypothetical functions.

As a first step towards, a first experiment with energetical items on *Plasmodium Falciparum* (Malaria's agent) identify a new function to a nucleosid transporter, expressed in the early stage of infection.

\* Ce travail est supporté par un projet pluridisciplinaire GEMBIO du groupement des Ecoles des mines dans le domaine de la Bio-informatique.

\*\* P.COLLET, Docteur en Biologie Structurale, Moléculaire et Cellulaire, actuellement en Post Doc au centre de recherche LGI2P.