

Visualisation de structures 2D d'ARN

Analyse et prédiction de liens structure/fonction des motifs H/ACA

English title

Fabrice Leclerc et Yann Ponty

English Abstract—Secondary structure diagrams are essential, in RNA biology, to critically assess the credibility of functional hypotheses, and communicate them visually as drafts or finalized publication-ready figures. While many tools are currently available to automate the production of such diagrams, their capacities are usually partial, making it difficult for a user to decide which tool to use in a given situation. We present major existing representations using available free tools (**jViz.RNA**, **the PseudoViewer**, **RILogo**, **R-chie**, **RNAplot**, **R2R** and **VARNA**) which may be used for the production of expressive publication-quality illustrations featuring the RNA secondary structure. We propose specific approaches to visualize the secondary structure in the presence of probing data, pseudoknots, RNA-RNA interactions and evolutionary data. Some of these approaches are illustrated for the analysis and prediction of the structure/function relationships of H/ACA motifs.



1 INTRODUCTION

Les diagrammes de structure secondaire jouent un rôle essentiel en biologie des ARN pour formaliser et tester des hypothèses structure/fonction ainsi que pour générer un support visuel utilisé comme illustration dans une publication. Au sein de la communauté ARN, il existe différents outils permettant de générer ces diagrammes mais leurs fonctionnalités sont souvent partielles et rendent difficile le choix par l'utilisateur de l'outil le mieux adapté à tel ou tel type de données. La revue intitulée "Drawing and editing the secondary structure(s) of RNA" [1] est destinée à guider l'utilisateur à travers les différentes étapes de production d'illustrations de structures d'ARN de qualité destinées à être publiées. Les principaux types de représentations y sont illustrés avec des instructions précises pour les générer avec les outils disponibles sous la forme de logiciels libres (et gratuits) tels que: **jViz.RNA**, **the PseudoViewer**, **RILogo**, **R-chie**, **RNAplot**, **R2R** and **VARNA**. Y sont décrits également les différents formats de fichiers associés. L'exposé se focalisera sur les différents modes de représentations des ARN sans entrer dans les détails des aspects techniques. Pour obtenir plus d'informations, le lecteur pourra les obtenir dans la revue qui propose plusieurs exemples d'application détaillés étape-par-étape et fournit également des scripts (shell ou python) permettant à l'utilisateur d'accéder à des fonctions avancées.

A travers plusieurs exemples, on montrera comment les représentations de la structure 2D des ARN

permettent d'envisager et d'évaluer différentes hypothèses de liens structure/fonction. Les exemples seront tirés principalement de l'utilisation des programmes **R2R** et **VARNA** sur les ARN dits à motifs H/ACA qui guident la modification séquence-spécifique d'ARN cible(s) par la conversion d'uridine en pseudo-uridine chez les Archaea [2]. Ces ARN guides jouent un rôle essentiel dans la pseudo-uridylation des ARN ribosomiques nécessaire pour la fonction même du ribosome. On détaillera notamment l'utilisation de données phylogénétiques et la fonctionnalité du programme **R2R** permettant de classer des ARN de structure apparentée en différentes sous-familles.

2 CONCLUSION

L'utilisation d'outils pour générer et visualiser la structure 2D des ARN permet de standardiser les représentations graphiques (Fig. 1). Les outils actuels permettent d'intégrer et de visualiser de façon plus ou moins complète différentes types de données biologiques (accessibilités, présence d'interactions tertiaires, interactions ARN-ARN, données phylogénétiques, etc). Dans les cas d'utilisation de données évolutives, ils facilitent aussi la reproduction et la mise à jour de représentations pour de nouvelles séquences ayant des structures similaires. Ils fournissent aussi un support visuel facilitant l'analyse des liens structure/fonction permettant de dégager des déterminants structuraux généraux ou plus spécifiques grâce notamment à la possibilité d'identifier des sous-familles structurales.

REFERENCES

- [1] Y. Ponty and F. Leclerc. Drawing and editing the secondary structure(s) of RNA. *Methods in Molecular Biology*, submitted.

- Fabrice Leclerc: CNRS/IGM Univ. Paris Sud (UMR8621)
E-mail: fabrice.leclerc@igmors.u-psud.fr.
- Yann Ponty: CNRS/LIX, Ecole Polytechnique (UMR7161)
E-mail: yann.ponty@lix.polytechnique.fr.

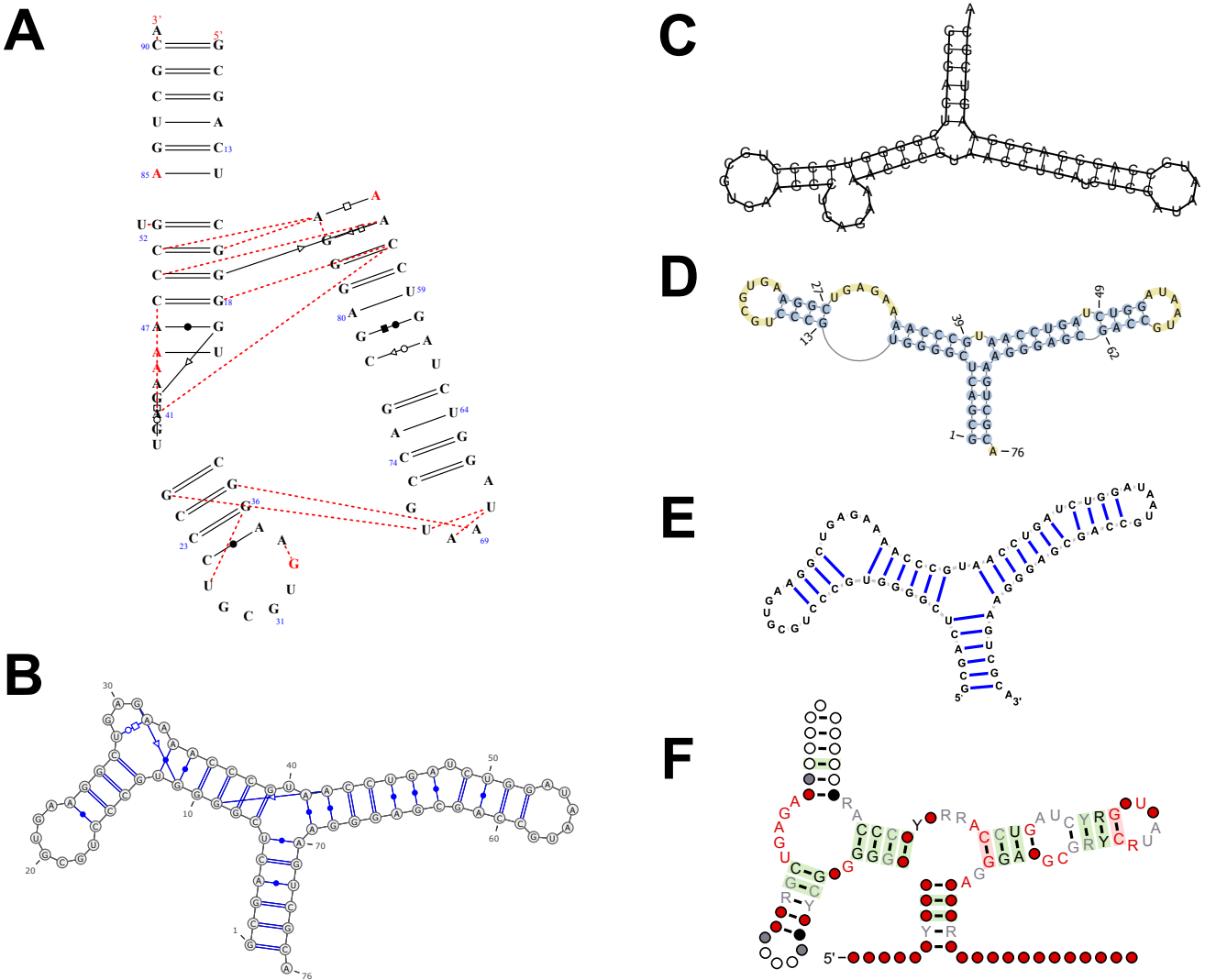


Fig. 1. Various layout strategies for the display of (extended/consensus) RNA secondary structures as (outer) planar graphs, also known as squiggle plots. Source: three-dimensional model of the TPP riboswitch (PDB id:2HOM), and associated RFAM family (RFAM: RF00059). A: S2S/Assemble, B: VARNAs, C: RNAplot, D: PseudoViewer, E: jViz.RNA, F: R2R

[2] C. Toffano-Nioche, D. Gautheret, and F. Leclerc. New roles for old ncRNAs in Archaeas ? Revisiting the Structure/Function Relationships of H/ACA guide RNAs from Transcriptomics and Computational RNomics. *Frontiers in Microbiology*, to be submitted.