



UNIVERSITÉ DE NANTES



Laboratoire de Génétique, Physiologie
et Systèmes d'Élevage (GenPhySE)
INRA, Castanet-Tolosan

ANALYSE DE L'IMPACT DU STRESS CHEZ LE COCHON D'ÉLEVAGE SUITE À L'INJECTION DE LPS

Caroline Ydier

Stage de fin d'études - Master 2 Ingénierie Mathématique
2014/2015

Tutrices de stage : Nathalie Villa-Vialaneix, Valérie Sautron & Laurence Liaubet

Table des matières

Introduction	5
1. Description de l'entreprise d'accueil : l'INRA	6
1.1. Présentation générale	6
1.2. Centre de recherche Toulouse Midi-Pyrénées	6
I. Outils et méthodes	8
2. Notions de biologie	9
2.1. L'ADN	9
2.2. L'ARN messager (ARNm)	9
2.3. Biopuces	10
2.4. Stress	10
3. Présentation des outils utilisés	12
3.1. RStudio	12
3.2. Git	12
4. Présentation des méthodes statistiques	13
4.1. Imputation de données	13
4.2. Normalisation	13
4.3. ACP	14
4.4. ACP multi-niveaux	15
4.5. Test de Student	15
4.6. ANCOVA	15
4.7. Test de Wilcoxon apparié	16
4.8. Test d'enrichissement	17
4.9. Ajustement de p-valeurs	17
4.10. AFM	18
II. Présentation des données	19
5. Présentation des jeux de données	20
5.1. Les données de description de l'expérience (<i>Indiv</i>)	20
5.2. Les données de transcriptome (<i>Genes</i>)	22
5.3. Les données de biologie clinique (<i>Biologie</i>)	22
6. Nettoyage des données de biologie clinique (<i>Biologie</i>)	24
6.1. Imputation	24
6.2. Normalisation des données de biologie clinique	24

III. Travail effectué	25
7. Analyse des données de biologie clinique (<i>Biologie</i>)	26
7.1. Analyse préliminaire des évolutions par rapport aux pas de temps	26
7.2. Analyse en Composantes Principales	31
7.3. ACP multi-niveaux	33
7.4. ACP par pas de temps	34
7.5. Recherche de variables dont l'évolution est significative entre $t = 0$ et $t = +1/ +4/ +24h$	36
8. Analyse exploratoire des données de transcriptome (<i>Genes</i>)	38
8.1. Détection de biais techniques et normalisation des données	38
8.1.1. Étude des effets "Mere" et "Animal" sur les données	39
8.1.2. Recherche de biais dus aux variables expérimentales	39
8.1.3. Identification d'un individu atypique	40
8.1.4. Normalisation des données	40
8.2. ACP ordinaire sur les données normalisées	41
8.3. ACP multi-niveaux	42
9. Recherche des gènes différentiels (<i>Genes</i>)	45
9.1. Différentes méthodes de sélection	45
9.2. Sélection des gènes différentiels avec des tests de Wilcoxon appariés	46
9.3. Résumé des résultats avec les deux autres méthodes de sélection	49
9.3.1. Première méthode : ANCOVA sans normalisation par pas de temps	49
9.3.2. Deuxième méthode : ANCOVA avec normalisation par pas de temps	50
10. Analyse sur les données d'expression génique et de biologie clinique simultanément	54
Conclusion	57
IV. Annexes	58
A. Résumé variables biologiques	60
B. Gènes ayant une corrélation supérieure à 99% avec la première composante pour l'ACP multi-niveaux	61
C. Gènes ayant une corrélation supérieure à 80% avec la troisième composante pour l'ACP multi-niveaux	64
D. Résultats des tests d'enrichissement pour les gènes différentiels par les tests de Wilcoxon appariés au seuil 1%	66
E. Résultats des tests d'enrichissement par cluster pour les gènes différentiels avec des tests de Wilcoxon pour $t = +1h$ au seuil 1%	69
F. Résultats des tests d'enrichissement par cluster pour les gènes différentiels avec des tests de Wilcoxon pour $t = +4h$ au seuil 1%	128
G. Résultats des tests d'enrichissement par cluster pour les gènes différentiels avec des tests de Wilcoxon pour $t = +24h$ au seuil 1%	177

- H. Heatmaps sur les gènes différentiels selon l'ANCOVA sans la normalisation par pas de temps 187**
- I. Heatmaps sur les gènes différentiels selon l'ANCOVA avec la normalisation par pas de temps 189**

Introduction

Au fil du temps, les producteurs ont fait évoluer leurs élevages destinés à la consommation vers des élevages intensifs. Cette évolution a entraîné une baisse du bien-être des animaux alors qu'il s'agit d'un sujet de plus en plus important aux yeux des consommateurs [9]. De plus, ce type d'élevage a entraîné une sélection de **génotype** afin de conserver uniquement les animaux avec de bons caractères de production tels qu'une croissance rapide, une viande nutritive ou des portées importantes. Cependant la forte sélection de ces caractères a entraîné une diminution importante des caractères fonctionnels de ces animaux tels que la viabilité des nouveaux-nés ou leur résistance à l'environnement. Ces caractéristiques sont dues majoritairement au cortisol mais celui-ci a des impacts négatifs sur les caractères de production telle qu'une augmentation du taux de graisse. Ces constatations ont donné lieu à plusieurs projets de recherches afin d'améliorer la robustesse des animaux d'élevages en réduisant au maximum l'impact sur les caractères de production.

Le projet sur lequel nous avons travaillé s'intitule "SUSoSTRESS". Il s'agit d'un projet de recherche étalé sur 48 mois qui a pour objectif de ré-équilibrer la balance entre productivité et robustesse en sélectionnant des animaux sur la base de leur production de cortisol dans l'organisme. Ce projet est séparé en deux parties. La première consiste à produire des preuves expérimentales pour appuyer la stratégie proposée à l'aide de cochons sélectionnés pour leurs réponses de cortisol à des stimulations d'hormone adrénocorticotrope (ACTH). La deuxième est d'élaborer un modèle de la variabilité génétique de l'axe hypothalamique-pituitaire-surrénal (ou **axe HPA**) et de son activité génétique en relation avec les performances sur la robustesse et les caractères de production pour l'utiliser comme base pour faire de la sélection génétique.

L'objectif de ce stage, rattaché au projet "SUSoSTRESS", est d'effectuer une analyse de données d'expression génique suite à une injection de lipopolysaccharide (**LPS**) sur des porcs de race "large white". Cette expérience a pour but de comprendre la réaction de l'axe **axe HPA** de cet animal, qui est majoritairement représenté par la production de cortisol, face à une expérience de stress. D'autres expériences de stress ont déjà été étudiées dans le cadre de ce projet. Ces analyses sont réalisées sur la génération 0, autrement dit les premiers cochons inclus dans le projet (les générations 1 à 3 sont des descendants de cette génération 0, sélectionnés pour leurs caractères extrêmes de réponse au stress).

Le rapport est organisé comme suit : dans un premier temps, nous effectuerons une description de l'INRA de Castanet-Tolosan où le stage a été effectué, puis nous présenterons le travail accompli, en vous donnant tout d'abord les notions biologiques utiles pour la compréhension de cette étude ainsi que les outils statistiques utilisés.

1. Description de l'entreprise d'accueil : l'INRA

1.1. Présentation générale

L'INRA, ou Institut National de la Recherche en Agronomie, est un institut de recherche ayant le statut d'établissement public à caractère scientifique et technologique (EPST), présidé par François Houllier. Il est sous la double tutelle du ministère de la Recherche et du ministère de l'Agriculture. L'INRA est le premier institut de recherche agronomique en Europe et est en troisième position mondiale en termes de publication dans le domaine de l'agriculture. Il est également cinquième pour les articles scientifiques concernant les plantes et les animaux. En 2013, cet institut comptait 8 500 agents titulaires et 17 centres de recherche régionaux ainsi qu'un centre siège.

L'INRA a été créé en 1946, à la sortie de la guerre, pour lutter contre la pénurie alimentaire. Sa mission était alors d'améliorer les techniques de production agricole ainsi que la sélection génétique végétale et animale à l'aide la science et de la technologie. Cette mission fut une réussite car, dès la fin des années 60, la France est devenu auto-suffisante sur le plan alimentaire. En 1970, elle devient même exportatrice de denrées alimentaires. A partir de ce moment là, l'objectif de l'INRA devient de palier aux problématiques liées à l'environnement et au développement local .

Les quatre chantiers de recherche prioritaires entre 2010 et 2020 sont d'améliorer toutes les composantes de l'agriculture, d'assurer des systèmes alimentaires sains et durables, de valoriser la biomasse et d'atténuer le réchauffement climatique tout en s'y adaptant.

1.2. Centre de recherche Toulouse Midi-Pyrénées

Ce centre, construit en 1970, accueille près de 1000 employés dont 630 titulaires. Il a de nombreux partenariats avec des instituts locaux tels que l'INSERM ou l'ENSAT. Les trois grands enjeux privilégiés ici sont des systèmes de production agricoles et forestières plus durables et adaptés au changement climatique, une alimentation attentive aux questions de santé et de nouvelles filières de transformation des agro-ressources en faveur d'une valorisation du carbone renouvelable. Cela a conduit à la création de 7 axes scientifiques utilisés pour le schéma d'orientation du centre. Ces axes sont :

- la biologie intégrative des interactions plantes/environnement,
- la génétique et le biologie intégrative (maladies animales infectieuses et santé publique, conception d'élevages durables),
- la nutrition et la prévention (toxicologie, biomarqueurs)
- les biotechnologies industrielles,
- les méthodes et les plate-formes pour la biologie intégrative animale, végétale et microbienne,
- l'agro-écologie dans les territoires agricoles et forestiers,
- l'économie de l'environnement et des marchés.

Ses 7 axes sont étudiés à l'aide des 13 unités de recherches présentes dans le centre Toulouse Midi-Pyrénées. Ces unités sont spécialisées dans certains domaines comme par exemple les unités AGIR (AGroécologie - Innovations - tERritoire) ou GBF (Génomique et Biotechnologie des Fruits) mais elles s'appliquent à travailler sur un ou plusieurs axes du centre Midi-Pyrénées.

L'étude expliquée ici répond à l'axe scientifique "génétique et biologie intégrative" et fut effectuée au sein de l'équipe de l'unité GenPhySE (Genétique, Physiologie et Système d'Élevage) en collaboration avec l'équipe de l'unité MIAT (Mathématiques et Informatique Appliquées).

Première partie .

Outils et méthodes

2. Notions de biologie

L'objectif de ce stage est d'étudier la dynamique de la réponse à un stress chez le cochon. Dans notre cas, le stress a été causé par une injection de **LPS**, ou lipopolysaccharide, qui est un composant de la membrane des bactéries à Gram négatif. Il provoque une réponse inflammatoire généralisée de l'organisme. Pour parvenir à cet objectif, nous allons réaliser une étude du **transcriptome** en nous basant sur des données recueillies à l'aide de biopuces. Nous mettrons ensuite nos résultats en relation avec des données de biologie clinique. Afin de pouvoir réaliser une étude approfondie de nos données, il est nécessaire de connaître quelques notions de biologie tel que l'**ADN**, l'**ARNm**, le fonctionnement des biopuces et l'impact d'un stress sur l'organisme des cochons.

2.1. L'ADN

L'**ADN** ou acide désoxyribonucléique est une molécule que l'on retrouve dans le noyau de toutes les cellules. Il contient toute l'information génétique de l'organisme, appelée génotype, qui permet son bon développement et fonctionnement. L'**ADN** est constitué de séquences de nucléotides qui sont constituées d'un groupe phosphate, d'un sucre appelé le désoxyribose et d'une base azotée. Cette base peut être soit l'adénine (noté A), la thymine (noté T), la cytosine (noté C) ou la guanine (noté G).

Cette molécule se présente sous la forme de deux branches qui s'assemblent pour former une double hélice grâce à la complémentarité des bases azotées. En effet la base A s'associe avec la base T et la base C avec la base G (Figure 2.1 ¹).

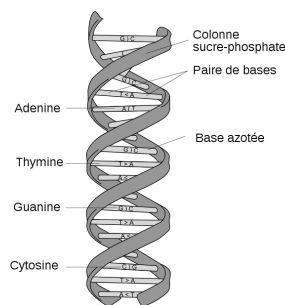


FIGURE 2.1. – Schéma de la double hélice d'ADN

2.2. L'ARN messager (ARNm)

L'**ARNm** ou acide ribonucléique messager est une copie d'une portion de l'**ADN** qui est utilisé comme intermédiaire dans la synthèse des protéines. Un **gène** correspond à un ou plusieurs **ARNm**. L'étape où l'**ARNm** se forme à partir de l'**ADN** est appelé la **transcription**. Une fois cette étape effectuée, l'**ARNm** va se fixer à un ribosome qui traduit l'**ARNm** en protéine. Cette étape s'appelle la traduction. Ces deux étapes constituent la synthèse des protéines (Figure 2.2²). On appelle **transcriptome** l'ensemble des **ARNm** exprimés à un moment donné dans un

¹L'image provient de [Wikimedia Commons](#) et est attribuable à [MesserWoland](#) avec des modifications de [Dosto](#).

²L'image provient de [Wikimedia Commons](#) et est attribuable à [Ggbb](#).

tissu donné et protéome l'ensemble des protéines générées dans ces mêmes conditions à partir des ARNm.

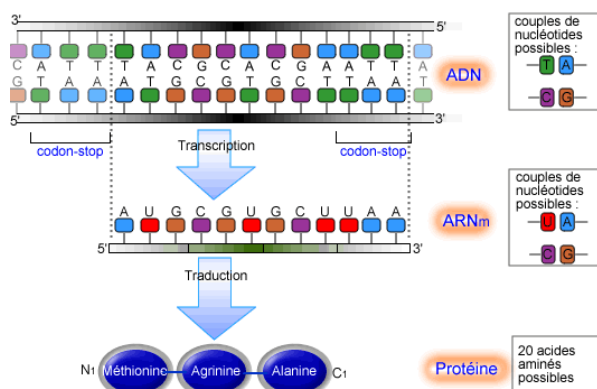


FIGURE 2.2. – Étapes de la synthèse des protéines

Au cours de notre étude, nous allons nous intéresser au **transcriptome**. En effet l'expression d'un **gène** se mesure par la quantité d'ARNm lui correspondant, présent à un moment donné dans un tissu sélectionné. Cette donnée nous permet de connaître le fonctionnement d'une cellule et d'observer les réactions d'un organisme dans diverses situations. Ici nous allons nous intéresser aux situations de stress.

2.3. Biopuces

Les biopuces ou *DNA microarray* en anglais (Figure 2.3³) sont des plaques de petites dimensions qui peuvent être composées de différentes matières (verre, silicium, plastique, etc...). Elles sont constituées comme des matrices dans lesquelles chaque case, ici appelée **spot**, est constituée de fragments d'ADN correspondant à un **gène** particulier qui provient d'une base de données contenant la composition des ARNm.

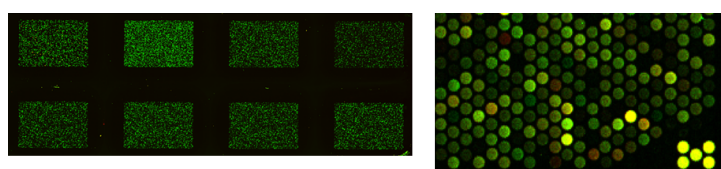


FIGURE 2.3. – Biopuce

On constate ici qu'il existe plusieurs étapes lors desquelles un biais technique peut survenir et influencer les données obtenues. En effet, il est impossible de travailler avec des lames ayant exactement la même qualité. Par exemple, l'étape des bains de rinçage est manuelle. Par conséquent, il faut prendre en compte le fait que cette étape a pu agir sur les données, car il est impossible de recréer plusieurs fois des bains exactement identique manuellement.

2.4. Stress

Le stress en biologie ne correspond pas seulement au stress causé de manière psychologique mais à l'ensemble des réponses non-spécifiques d'un organisme lorsqu'il est soumis à des pressions ou à des contraintes environnementales tels qu'un espace alloué restreint ou la température. Chez

³L'image provient de <http://genetiquemoleculaire.com/> et est attribuable au CUO-Recherche du Centre hospitalier universitaire de Québec .

les animaux d'élevage tels que le cochon, l'une des causes de stress courante est la nouveauté. Ces événements provoquent une réponse au niveau de l'hypothalamus qui induit une réaction en chaîne au sein de l'organisme. Cela conduit à une production de cortisol plus importante qu'en temps normal (Figure 2.4⁴).

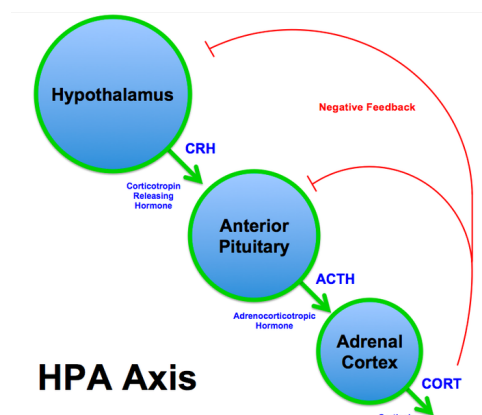


FIGURE 2.4. – Fonctionnement de l'axe hypothalamique-pituitaire-surrénal (axe HPA)

Le cortisol provoque de nombreuses réactions chez le cochon, aussi bien bonnes que mauvaises. Cette hormone, qui touche une grande diversité de tissus, permet aux cochons d'avoir une meilleure résistance à leurs environnements et aux différents stress subis tels que la température ou les maladies. De plus, cette résistance permet d'améliorer la viabilité des nouveaux nés et d'obtenir une meilleure maturité de l'organisme. Toutes ces conséquences influencent les caractères fonctionnels des cochons d'élevage. Cependant, à notre époque, les caractères privilégiés sont ceux de production, qui correspondent à une viande forte en protéines et pauvre en graisses ainsi qu'une croissance rapide des animaux. Or le cortisol provoque chez les cochons un ralentissement de la croissance ainsi qu'une diminution du taux de protéines dans leur viande au profit de celui de graisse, réduisant ainsi l'efficacité alimentaire. Ces constatations ont provoqué une sélection des cochons d'élevage au profit de ceux ayant une faible activité adrénocorticale afin de réduire au maximum la production de cortisol. Cependant, cela a provoqué une hausse de la mortalité dans les élevages, vu les faibles réactions des organismes des cochons face aux différents stress qu'ils subissent. Cela montre l'importance d'un bon fonctionnement de l'axe HPA afin d'obtenir l'élevage le plus performant possible, autrement dit avec des animaux plus robustes, par exemple avec un taux de mortalité plus faible, mais avec une qualité de viande qui reste élevée [8, 7].

Le cortisol est fortement lié aux protéines. En effet, il interagit avec les récepteurs intracellulaires dans le but de transmettre un message au noyau de la cellule concernée. Il ordonne l'activation ou l'inhibition de l'expression d'un gène pour protéger l'organisme contre le stress subit.

⁴L'image provient de plate-forme transcriptome de l'ENS et est attribuable à BrianMSweis.

3. Présentation des outils utilisés

3.1. RStudio

RStudio¹ est un environnement de programmation pour le langage R qui fournit une interface pratique pour l'analyse de données et la création de graphique. De plus, RStudio nous permet de créer facilement, à l'aide du package **knitr**, des fichiers de code en RMarkdown. Ce type de fichiers est couramment utilisé pour créer des documents contenant du code R car il permet de les rendre plus organisés et lisibles. Le package **RMarkdown**² permet de créer des fichiers en HTML ou encore PDF qui sont facilement joignables à des présentations ou rapports en L^AT_EX. Le code R présent dans l'annexe est rédigé à l'aide de ce logiciel.

Les principaux packages utilisés pour ce projet sont **FactoMineR**³ pour les Analyses en Composantes Principales, **DMwR**⁴ pour les imputations, **preprocessCore**⁵ pour effectuer la normalisation quantile et **mixOmics**⁶ pour l'ACP multi-niveaux. **preprocessCore** est différent des deux autres packages car il provient du site Bioconductor qui propose des packages R pour la biostatistique.

3.2. Git

Git⁷ est un logiciel de gestion de versions utilisable sous Linux, Mac OS et Windows. Autrement dit, il s'agit d'un programme permettant un travail collaboratif sur un dossier (appelé dépôt) contenant un ou plusieurs fichiers. Ce logiciel permet un suivi facile de l'évolution d'un projet en conservant les différentes versions des fichiers suivis et en permettant d'en analyser l'évolution. De plus, il est conçu pour gérer les conflits de modifications entre les fichiers : par exemple, si deux personnes modifient le même fichier au même endroit avant d'appliquer leurs modifications sur le dépôt commun, le système indiquera aux utilisateurs qu'il y a un conflit entre les fichiers, à quel endroit et demandera aux utilisateurs de faire le choix de la version à conserver. Ainsi, ce gestionnaire de version est un moyen de partage pratique et efficace pour la réalisation d'un projet.

¹Disponible sur <http://www.rstudio.com/>

²Disponible sur le CRAN

³Disponible sur le CRAN

⁴Disponible sur le CRAN

⁵Disponible sur Bioconductor

⁶Disponible sur le CRAN

⁷Disponible sur <https://git-scm.com>

4. Présentation des méthodes statistiques

Dans la suite de cette partie, X désignera le tableau de données, qui est de dimension n (nombre d'individus) $\times p$ (nombre de variables). Un individu est désigné par le vecteur $x_i \in \mathbb{R}^p$ et une variable par le vecteur $x^j \in \mathbb{R}^n$. Le nombre x_{ij} est la valeur de la variable j observée pour l'individu i .

Dans certains cas, la matrice de données contient une troisième dimension qui est la dimension temporelle. Dans ce cas, on note $X = (x_{ij}^t)_{i=1,\dots,n, j=1,\dots,p, t=1,\dots,T}$ où i désigne l'individu, j la variable et t le moment de l'observation.

4.1. Imputation de données

Lorsqu'un jeu de données contient des données manquantes, il est courant d'utiliser une méthode d'imputation de données. La méthode utilisée pour cette étude est une imputation à l'aide des k plus proches voisins. Pour une observation x_i contenant une valeur manquante à la j ème variable, x_{ij} , la méthode consiste à calculer la distance euclidienne entre x_i et l'ensemble des autres observations $(x_{i'})_{i'=1,\dots,n, i' \neq i}$ sans tenir compte de la variable j :

$$d(x_i, x_{i'}) = \sqrt{\sum_{j' \neq j} (x_{ij'} - x_{i'j'})^2}.$$

Les observations de $(x_{i'})_{i'=1,\dots,n, i' \neq i}$ correspondant aux k plus petites distances sont alors sélectionnés (on notera $\mathcal{V}_j(i)$ l'ensemble de leurs indices) et la valeur x_{ij} est imputée à l'aide de la moyenne des valeurs de la variable j pour ces observations :

$$\tilde{x}_{ij} := \frac{1}{k} \sum_{i' \in \mathcal{V}_k(i)} x_{i'j}.$$

L'imputation par k plus proche voisins a été effectuée à l'aide de la fonction `knnImputation` du package `DMwR`.

4.2. Normalisation

Au cours de cette étude, deux types de normalisation seront utilisés : la normalisation quantile et la normalisation médiane.

La **normalisation médiane** s'applique à l'aide d'une variable qualitative qui prend pour valeurs $k = 1, \dots, K$, créant ainsi K groupes. Cette méthode consiste à appliquer la formule suivante pour chaque variable j et pour tout $i = 1, \dots, n$:

$$\tilde{x}_{ij} = x_{ij} - m_j^k + m_j$$

avec m_j^k la médiane du groupe k de j auquel appartient l'individu i et m_j la médiane globale de la variable j .

La **normalisation quantile** est une méthode destinée à la normalisation de données transcriptomiques [3]. Elle utilise la matrice $M = X^T$. Les quantiles empiriques de chaque colonne sont ensuite alignés en partant de l'hypothèse biologique classique qui suppose que la distribution globale des expressions pour chaque expérience est identique. De manière plus

précise, pour effectuer une normalisation quantile sur la matrice $M \in \mathcal{M}_{p,n}$, on crée la matrice $R = (r_{ji})_{j,i} \in \mathcal{M}_{p,n}$ contenant les rangs par colonnes des éléments de la matrice M . On crée alors la matrice $\tilde{M} = (\tilde{m}_{ji})_{j,i} \in \mathcal{M}_{p,n}$ telle que :

$$\tilde{m}_{r_{ji},i} = m_{ji}.$$

La moyenne des nouvelles lignes (variables) ainsi obtenues est alors, pour tout j :

$$\bar{m}^j = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \tilde{m}_{ji}.$$

Ainsi, on a obtenu les valeurs normalisées pour chaque rang $j = 1, \dots, p$. On pose alors, pour tout j ,

$$\hat{m}_{ji} = \bar{m}_{r_{ji}}^j.$$

On a alors $\hat{X} = (\hat{m}_{ij})_{i=1,\dots,n, j=1,\dots,p}$ la matrice normalisée de X .

Cette méthode a été appliquée sous **R** à l'aide de la fonction `normalize.quantiles` du package `preprocessCore`.

4.3. ACP

Une ACP, ou Analyse en Composantes Principales, est une méthode d'analyse de données couramment utilisée dès que l'on dispose de jeux de données avec plusieurs variables quantitatives. L'objectif de cette méthode est de synthétiser l'information contenue dans le jeu de données étudié et de permettre une projection des observations et des variables sur des axes appelés composantes principales. Lors d'une ACP normée, comme celles effectuées pour ce projet, celles-ci sont obtenus par l'algorithme suivant :

- on centre et réduit les données : $x_{ij} = \frac{x_{ij} - \bar{x}_j}{\sigma_j}$ avec \bar{x}_j la moyenne de la variable j et σ_j l'écart type de cette même variable;
- on calcule la matrice de variance/covariance : $W = X^T X$;
- on la diagonalise : $W = C \Lambda C^T$ avec $C \in \mathcal{M}_{p,p}$ la matrice des composantes principales (vecteurs propres) et Λ est la matrice diagonale contenant les p valeurs propres de W dans la diagonale. Ce problème est équivalent à trouver une combinaison linéaire $X\beta$ ($\beta \in \mathbb{R}^p$) des variables initiales qui maximise l'inertie totale des données projetées, $\text{Var}(X\beta)$.

Comme W est une matrice symétrique, ses vecteurs propres, par conséquent les composantes principales, sont orthogonaux entre eux. Chaque composante c^j est associée à une valeur propre λ_j . On appellera première composante principale le vecteur propre normé, β_1 , associé à la plus grande valeur propre λ_1 , deuxième composante principale, β_2 , celui associé à la deuxième plus grande valeur propre, λ_2 et ainsi de suite.

Chaque composante principale permet de représenter un pourcentage d'inertie expliquant le jeu de données étudié et l'inertie correspond à la variance totale du tableau de données. Pour chaque axe k , le pourcentage d'inertie reproduit sur l'axe est égal à $I_k = \frac{\lambda_k}{\sum_{i=1}^n \lambda_i}$. Plus le pourcentage est fort, plus la représentation des individus par les composantes principales permet une bonne visualisation de la distance entre chaque individu ainsi que des corrélations entre les différentes variables. Pour cette étude, seules des ACP normées ont été utilisées afin d'éviter des problèmes liées à des différences d'unités de mesures entre les variables étudiées.

Cette méthode d'analyse a été appliquée dans le logiciel de programmation **R** à l'aide de la fonction `PCA` du package **FactoMineR**.

4.4. ACP multi-niveaux

Une ACP multi-niveaux est une ACP basée une décomposition du jeu de données étudié en composante individuelle et composante inter-individus [6]. Celle-ci est basée sur une ré-écriture de la matrice de données $X = (x_{ij}^t)_{i=1,\dots,n, j=1,\dots,p, t=1,\dots,T}$ (i désigne l'individu, j la variable et t le moment de l'observation) en une composante inter-sujets, une composante intra-sujets et un résidu. De manière plus précise, pour la variable j , la décomposition s'exprime comme :

$$x_{ij}^t = x_{.j} + \underbrace{(x_{ij} - x_{.j})}_{X_b^j} + \underbrace{(x_{ij}^t - x_{ij})}_{X_w^j}$$

avec $x_{.j} = \frac{1}{nT} \sum_{i=1}^n \sum_{t=1}^T x_{ij}^t$ (moyenne globale de la variable j sur l'ensemble du jeu de données) et $x_{ij} = \frac{1}{T} \sum_{t=1}^T x_{ij}^t$ (moyenne de la variable j sur l'ensemble des pas de temps pour l'individu i). $x_{.j}^t$ est le terme fixe, $(x_{ij} - x_{.j})$, la composante inter-sujets et $(x_{ij}^t - x_{ij})$ la composante intra-sujets. X_w^j est ici un vecteur de dimension nT contenant toutes les valeurs $(x_{ij}^t - x_{ij})$ pour $i = 1, \dots, n$ et $t = 1, \dots, T$.

Une ACP multi-niveaux est une analyse basée sur la matrice associée à la variance intra-sujet $X_w = (X_w^j)_{j=1,\dots,p}$ (matrice de dimension $(nT) \times p$) car c'est elle qui conserve l'effet non individuel de l'expérience et elle permet donc de mettre mieux en valeur l'effet principal qui est ici l'effet temps (l'ensemble des sujets est ramené à une moyenne commune).

La réalisation de cette ACP sous **R** est basée sur le tutoriel "Multivariate projection methodologies for the exploration of large biological data sets" créé par Kim-Anh Lê Cao, Ignacio González et Sébastien Déjean [4]. Il utilise le package **mixOmics**. Dans un premier temps, la matrice X_w est extraite du jeu de données à l'aide de la fonction `Split.variation.one.level`, puis on applique la fonction `pca` pour obtenir les résultats de l'ACP multi-niveaux.

4.5. Test de Student

Au cours de cette étude, des tests de Student appariés ont été utilisés afin d'identifier les variables (gènes ou données cliniques) dont les évolutions sont significatives entre $t = 0$ et $t = +1/ + 4/ + 24h$. Ces tests sont basés sur l'hypothèse H_0 : "la différence moyenne entre une variable au temps 0 et de cette même variable au temps t est nulle". Ce test est, en théorie, applicable uniquement si la différence entre les deux pas de temps suit une loi normale. Pour vérifier cela, des tests de Shapiro-Wilk et de Kolmogorov-Smirnov ont été appliqués, les premiers étant plus conseillés pour des échantillons avec de faibles effectifs. Nous avons considéré que si au moins l'un des tests confirmait l'hypothèse de normalité, nous pouvions appliquer un test de Student.

Les tests de Student ont été appliqués à l'aide de la fonction `t.test`.

4.6. ANCOVA

Afin de déterminer les gènes différentiellement exprimés, des ANCOVAs (ANalyses de CO-Variance) ont été utilisées. Il s'agit de tests de significativité basés sur un modèle linéaire. Elles cherchent à expliquer une variable dépendante quantitative par les niveaux d'une variable explicative qualitative en contrôlant l'effet d'autres variables quantitatives explicatives. Elle a été utilisés pour tester si l'expression d'un gène était différentiel entre $t = 0$ et $t = +1/ + 4/ + 24h$ en controlant le niveau de l'expression par une variable quantitative liée à la composition des cellules dont le niveau d'expression avait été relevé.

De manière plus précise, si la variable y_{it} correspond à l'expression de l'individu i au temps t_k avec $t_1 = 0$ et $t_2 \in \{+1/ + 4/ + 24\}$, le modèle utilisé était :

$$y_{it} = \beta_{0t} + \beta_{1t}x_{it} + \epsilon_{it}$$

où x_{it} est la variable quantitative décrivant la composition sanguine de l'individu i au temps t et $\epsilon_{it} \sim \mathcal{N}(0, \sigma^2)$.

Lors d'une ANCOVA, deux tests d'hypothèses sont appliquées. Le premier est un test d'homogénéité des pentes, basé sur l'hypothèse $H_{0K} : \beta_{11} = \beta_{21} = \beta_1$. Pour réaliser ce test, on applique un test de Fisher partiel sur le modèle complet et le modèle réduit avec β_1 . Pour cela, on calcule la statistique de Fisher :

$$F_k = \frac{n - 2K}{K - 1} \frac{SCR_c - SCR}{SCR} \underset{H_{0K}}{\sim} F(K - 1, n - 2K)$$

avec

$$SCR = SCT - SCE = \|y - \bar{y}\mathbf{1}\|^2 - \|\hat{y} - \bar{y}\mathbf{1}\|^2$$

la somme des carrés résiduels du modèle complet et SCR_c la somme des carrés résiduels du modèle réduit.

Le deuxième test est un test d'homogénéité des coefficients constants qui repose sur l'hypothèse $H_{0C} : \beta_{10} = \beta_{20} = \beta_0$. Ce test fait de nouveau appel à une statistique de Fisher partielle. Les deux modèles comparés cette fois sont le modèle réduit sous H_{0K} et sous H_{0C} . On a alors :

$$F_k = \frac{n - K - 1}{K - 1} \frac{SCR_{c2} - SCR_c}{SCR_c} \underset{H_{0C}}{\sim} F(K - 1, n - (K - 1))$$

avec SCR_{c2} la somme des carrés résiduels du modèle réduit [1]. C'est ce test qui est utilisé pour tester si le gène est différentiellement exprimé entre les deux pas de temps.

Les ANCOVAs ont été réalisées sous **R** à l'aide des fonctions `lm` et `aov`.

4.7. Test de Wilcoxon apparié

Le test de Wilcoxon apparié est un test non paramétrique servant à comparer la moyenne de deux échantillons appariés. Dans notre cas, il est utilisé pour la recherche de gènes dont les évolutions sont significatives entre $t = 0$ et $t = +1/ + 4/ + 24h$. Il est basé sur l'hypothèse H_0 : "la différence moyenne entre une variable au temps 0 et de cette même variable au temps t est nulle".

Pour réaliser ce test, il faut, dans un premier temps, calculer les différences entre le premier et le deuxième échantillon puis classer leurs valeurs absolues. On note N le nombre de différences non nulles, w le minimum entre la somme des rangs des différences strictement positives et la somme des rangs des différences strictement négatives et W la variable aléatoire associée à w .

- Si $N \leq 25$, on utilise la table du test de Wilcoxon pour lire le nombre w_α tel que, sous H_0 , $\mathbb{P} = (W \geq w_\alpha) = \alpha$. Si $w \geq w_\alpha$, on rejette H_0 au risque α ;
- Si $N > 25$, sous H_0 , W suit approximativement la loi normale $\mathcal{N}(\mu, \sigma^2)$ avec

$$\mu = \frac{N(N+1)}{4} \quad \text{et} \quad \sigma^2 = \sqrt{\frac{N(N+1)(N+1)}{24}}.$$

Si $|\frac{w-\mu}{\sigma^2}| > q_\alpha$ avec q_α la quantile d'ordre α de $\mathcal{N}(0, 1)$, on rejette l'hypothèse H_0 au risque α .

Les tests de Wilcoxon ont été réalisés sous **R** à l'aide de la fonction `wilcox.test`.

4.8. Test d'enrichissement

Un test d'enrichissement (ou *GO Enrichment Analysis*) permet de réaliser une analyse au niveau ontologique. Une ontologie est un ensemble structuré de termes et de concepts appartenant à un domaine particulier en précisant les relations entre ces termes et leurs propriétés. Dans notre cas, nous allons nous concentrer en particulier sur les processus biologiques et les KEGG pathways. Ce test est basé sur les GO (ou *Gene Ontology*) : en biologie, il s'agit de grandes bases de données dans lesquelles les diverses fonctions déjà identifiées d'un gène donné sont listées.

L'objectif d'un test d'enrichissement est de définir si, dans un groupe de gènes donné, la proportion de gènes correspondant à une fonction donnée est significativement élevée : on dit alors que ce groupe de gènes est fonctionnellement "enrichi" dans cette fonction. Ce test s'effectue en construisant une table de contingence qui compte le nombre de gènes du groupe cible correspondant/ne correspondant pas à une fonction donnée contre le nombre de gènes d'un groupe témoins (généralement composé de tous les gènes de la biopuce utilisée pour l'expérience) correspondant/ne correspondant pas à cette fonction. Un test de Fisher exact unilatéral permet de quantifier si cette table de contingence est attendue sous hypothèse d'indépendance entre le type de gènes (dans le groupe cible ou non) et la fonction. Il repose donc sur l'hypothèse H_0 : "la proportion de gènes partageant un même terme est indépendante de son groupe (cible/témoins)".

Les tests d'enrichissement sont effectués à l'aide des packages **biomaRt** et **topGO**. Le premier permet d'accéder à des bases de données en ligne contenant les annotations et les GO de tous les gènes référencés. Nous avons choisi d'utiliser la base de données "ensembl" et le jeu de données "hsapiens_gene_ensembl" car l'organisme d'un porc est fortement similaire à celui d'un homme. De plus, le génome du porc est mal annoté par rapport à celui de l'homme. Le deuxième package permet de réaliser les tests. Deux algorithmes ont été utilisés. Le premier, appelé **classic**, effectue les tests sur tous les GO indépendamment les uns des autres. Le deuxième, noté **elim**, se base sur les niveaux des graphes orientés acycliques (DAG) associés aux GO. Il a pour but de réduire les récurrences de fonctions biologiques dans les GO significatifs en favorisant ceux aux plus bas niveaux qui sont plus spécialisés que les GO des premiers niveaux.

4.9. Ajustement de p-valeurs

Une fois les tests effectués, des méthodes pour ajuster les p-valeurs lors de l'application de plusieurs tests indépendants ont été effectués. Elles permettent de contrôler la probabilité d'obtenir un faux négatif, qui correspond à la probabilité d'obtenir un résultat négatif lors d'un test alors qu'il est censé être positif. En effet, si on applique K tests indépendants au seuil α , on a alors

$$\mathbb{P}(\exists \text{ au moins un faux-positif si l'hypothèse } H_0 \text{ est vraie pour tous les tests}) = 1 - (1 - \alpha)^K.$$

On a alors une augmentation exponentielle de la probabilité de faux positifs lorsque le nombre de tests augmentent. Les méthodes de correction vont permettre de réduire cette probabilité.

Les deux méthodes de correction de tests multiples qui ont été utilisées lors de ce projet sont Bonferroni et Benjamini-Hochberg [2]. La première correction modifie le seuil α en $\frac{\alpha}{K}$ où K est le nombre de tests effectués, tandis que la deuxième modifie le seuil α en $\frac{g\alpha}{K}$ avec g le rang du classement croissant des p-valeurs des différents tests. Ces deux tests n'agissent pas de la même manière sur les résultats. En effet, une correction de Bonferroni contrôle le FWER (FamilyWise Error Rate), c'est-à-dire, la probabilité d'obtenir au moins un faux positif parmi K tests indépendants :

$$\text{FWER} = \mathbb{P}(\text{FP} \geq 1)$$

où FP est le nombre de tests déclarés positifs alors que l'hypothèse nulle est vraie. La correction de Benjamini Hochberg contrôle elle le FDR (False Discovery Rate), c'est-à-dire, la proportion de faux positifs par rapport aux faux négatifs :

$$\text{FDR} = \mathbb{E} \left(\frac{\text{FP}}{\text{FP} + \text{TP}} \right)$$

où TP est le nombre de tests déclarés positifs alors que l'hypothèse nulle est fautive. Une correction de Benjamini Hochberg permet d'obtenir une meilleure sensibilité, autrement dit une plus forte proportion de positifs qui ont été correctement identifiés. Par conséquent, une correction de Bonferroni est plus sévère qu'une correction de Benjamini-Hochberg. Aussi, le premier sera privilégié lorsque l'on veut réduire au maximum le nombre de tests significatifs.

Par conséquent, la correction de Bonferroni a été appliquée uniquement pour la sélection des gènes différentiels afin de réduire au maximum le nombre de variables. Dans les autres cas, des corrections de Benjamini-Hochberg ont été appliquées afin de ne pas trop stringenter avec les données. Le seuil appliqué pour chaque correction est 1%.

Les p-valeurs ont été corrigées à l'aide de `p.adjust`.

4.10. AFM

Une AFM, ou Analyse Factorielle Multiple, est une méthode d'analyse factorielle basée sur des ACP et des ACM, qui correspondent à des analyses pour les variables qualitatives. Cette méthode permet d'analyser des variables, qualitatives et/ou quantitatives, structurées en groupes. Contrairement à une AFDM, une AFM pondère chaque groupe j de variables par $\frac{1}{\lambda_1^j}$, la première valeur propre de l'ACP ou ACM de ce groupe, afin de ne pas forcément rendre plus influent le groupe avec le plus de variables.

L'AFM a été réalisée sous **R** à l'aide de la fonction `MFA` du package **FactoMineR**

Deuxième partie .

Présentation des données

5. Présentation des jeux de données

L'expérience que nous allons étudier a été effectuée sur 30 porcs, de la race "large white" (Figure 5.1¹). Le "large white" est un porc originaire du nord-est de l'Angleterre qui fut introduit en France à la fin du XIX^{ème} siècle. Cette espèce est particulièrement appréciée pour les élevages car elle est précoce et prolifique avec en moyenne 24,9 porcelets par truie par an. De plus, le "large white" possède une intéressante capacité de croissance et produit de la viande riche en protéine et pauvre en graisse. En plus de ces caractéristiques de productions, cette espèce possède de bonnes capacités d'adaptation pour ce qui est de la température ou des conditions d'élevage.



FIGURE 5.1. – Large white

Tous les porcs étudiés sont des femelles afin d'éviter l'apparition d'un effet "sexe". Nous disposons de trois jeux de données. Le premier contient la description de l'expérience, le deuxième les expressions des gènes et le troisième les données de biologie clinique normalisées. Ces mesures ont été effectuées à quatre pas de temps différents à partir de l'injection : $t = 0$ (avant injection), $t = +1h$, $t = +4h$ et $t = +24h$. Nous allons présenter la composition de ces jeux de données. Le jeu de données concernant les variables de biologie clinique a été nettoyé et normalisé avant les analyses (voir chapitre 6).

5.1. Les données de description de l'expérience (*Indiv*)

Ce jeu de données contient 120 observations, qui correspondent aux 30 individus de l'expérience aux 4 pas de temps différents, et 9 variables. Les deux premières variables correspondent à deux identifiants, notés "**Animal**" et "**Mère**". En premier, on retrouve celui de l'individu étudiée et en deuxième celui de sa mère. Par conséquent, chaque identifiant de la variable "**Animal**" est présent quatre fois et chaque mère est unique pour un identifiant. Pour nos 30 individus, nous avons 12 mères. Les effectifs des individus pour chaque mère sont résumés dans le tableau 5.1.

La troisième variable, notée "**Condition**", correspond aux différents pas de temps expliqués précédemment. On retrouve donc quatre pas de temps pour chaque identifiant d'individu. La quatrième variable, appelée "**Extraction**" nous donne la date d'extraction de l'ARNm des

¹L'image provient de [Wikimedia Commons](#) et est attribuable à [Grimlock](#).

Label abrégé de la variable "Mere"	001195	001258	003611	102819	102908	104567
Effectif individus	2	3	2	2	2	3
Label abrégé de la variable "Mere"	104576	104752	105273	205866	205868	213005
Effectif individus	3	3	2	2	4	2

TABLE 5.1. – Tableau des effectifs par rapport à la variable "**Mere**"

échantillons prélevés sur les cochons. On a 6 dates d'extraction et nous avons reporté les effectifs associés à ces dates dans le tableau 5.2. Chaque individu ne possède qu'une seule date d'extraction.

Date d'extraction	1	2	3	4	5	6
Effectif individus	5	6	6	6	6	1

TABLE 5.2. – Tableau des effectifs par rapport à la variable "**Extraction**"

La cinquième variable correspond à l'identifiant de la bande d'élevage, notée "**Bande**". En effet, le projet initial portait sur un échantillon de 120 cochons, répartis en trois bandes d'élevage pour des raisons de logistique. Les 30 individus de notre étude sont issus uniquement de deux bandes : la bande 1310 et la bande 1311. On retrouve 17 individus dans la première et 13 dans la deuxième. Cette information est importante car il est courant de retrouver un biais dû à la bande d'élevage des animaux étudiés.

La sixième variable correspond à la date d'expérience des biopuces, notée "**Manip**" et codée "1" ou "2". Un individu ne peut pas avoir plusieurs dates d'expériences pour les biopuces. Le premier jour, 17 individus ont été étudiés, puis 13 le deuxième jour.

La septième variable, notée "**Lame**", est associée à l'identifiant de la biopuce utilisée. Un individu ne peut correspondre qu'à une seule lame mais chaque lame correspond à deux individus, soit 8 observations sur le jeu de données.

La huitième variable correspond à la position de l'échantillon sur une lame et est notée "**Position**". Elle est codée de 1 à 8 car chaque lame possède 8 positions. Chaque position n'est utilisée qu'une fois par lame.

La dernière variable, notée "**Bain**", correspond à l'identifiant du bain de rinçage qui est codée de 1 à 4. Pour chaque lame, le bain est unique et pour chaque bain, la date d'expérience est unique. Les trois premiers bains correspondent à chaque fois à 8 individus, soit 4 lames tandis que le dernier n'est associé qu'à 6 individus, soit 3 lames.

Ces variables décrivent complètement l'expérience et peuvent avoir un effet indésirable sur les mesures effectuées. En effet, à l'exception de la mère et du pas de temps, les autres variables sont des variables expérimentales qui ne correspondent pas à un effet biologique que l'on souhaite étudier. Dans le but de pouvoir corriger les effets produits par ces variables sur les mesures d'expression, la répartition des échantillons sur les puces a également été réfléchi. En effet les observations pour chaque individu sont regroupées sur une même lame, évitant des biais dus aux éventuelles différences entre les lames, et chaque lame possède à chaque fois deux positions par pas de temps, permettant ainsi de réduire l'influence des différentes lames pour la variable "**Condition**". De plus on a une certaine homogénéité entre les variables "**Position**" et "**Condition**" comme le montre le tableau 5.3 afin de prévenir d'une éventuelle influence de la position des échantillons sur les lames. Ainsi, beaucoup de précautions ont été prises afin de diminuer au mieux les possibles biais techniques pouvant apparaître au cours des analyses à venir. Le schéma de l'expérience a été récapitulé dans la figure 5.2.

Position	1	2	3	4	5	6	7	8
Effectif $t = 0$	4	4	4	3	3	4	4	4
Effectif $t = +1h$	4	3	4	4	4	4	4	3
Effectif $t = +4h$	3	4	4	4	4	3	4	4
Effectif $t = +24h$	4	4	3	4	4	4	3	4

TABLE 5.3. – Tableau des effectifs par rapport à la variable "Extraction"

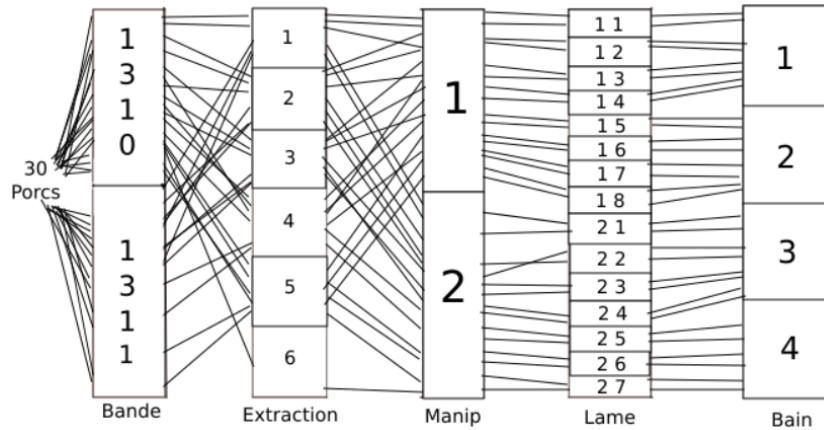


FIGURE 5.2. – Schéma de l'expérience

5.2. Les données de transcriptome (*Genes*)

Ce jeu de données contient 118 observations pour 27 837 gènes. Les 118 observations correspondent toujours aux 30 individus aux 4 pas de temps mais avec 2 individus dont l'hybridation de l'ARNm pour l'échantillon à un pas de temps s'est révélée de trop mauvaise qualité. Il s'agit des numéros 3285 et 3664 aux pas de temps $t = 0$ et $t = +1h$ respectivement. Ces deux expériences n'ont aucune variable expérimentale en commun. En effet, il s'agit de deux individus appartenant chacun à une bande différente, avec une date d'expérience et de manipulation de biopuce différente ainsi qu'un numéro de lame, de position et de bain différent. Ils ont également des mères différentes. Ainsi l'absence de ces deux individus n'est pas due à leurs caractéristiques expérimentales mais uniquement à la mauvaise qualité de l'hybridation.

5.3. Les données de biologie clinique (*Biologie*)

Ce dernier jeu de données contient 120 observations, les 30 individus, 20 variables de biologie clinique caractérisant le phénotype et une variable qualitative appartenant aux variables décrivant l'expérience. Les quatre premières variables sont identiques pour tous les pas de temps pour chaque individu. Il s'agit de son poids à la naissance, 21 jours après la naissance, 28 jours après la naissance et l'identifiant de son père, notées "P_NAISS", "P_PES_21j", "P_PES_28j" et "N_nat_p".

Les variables suivantes sont toutes des variables biologiques. Les quatre premières sont en rapport avec les globules blancs. En effet, on a la concentration en globules blancs dans le sang en T/L (Tera= 10^{12}), notée "GB", le ratio lymphocytes/globules blancs, noté "p_Lym", le ratio monocytes/globules blancs, noté "p_Mon" et le ratio granulocytes neutrophiles/globules blancs, noté "p_N_Gr". Les globules blancs ont un rôle important au sein du système immunitaire. Ces cellules ont pour fonction de protéger l'organisme contre les agressions d'organismes extérieurs tels que les virus ou les bactéries indésirables. Ils existent plusieurs types de globules blancs

mais nous nous intéresserons ici uniquement aux cellules largement majoritaires dans le sang, autrement dit les lymphocytes, les monocytes et les granulocytes neutrophiles. Les premières sont produites par les ganglions lymphatiques tandis que les deuxièmes sont produites dans la moelle osseuse. Les lymphocytes participent à la production d'anticorps spécifiques à l'agression détectée tandis que les monocytes sont les éclaireurs pour défendre l'organisme et identifier le problème. Le troisième type de cellule est une cellule sanguine qui a pour but d'intervenir en cas de réactions allergiques ou immunitaires. Les granulocytes neutrophiles détruisent les cellules étrangères ou infectées en les absorbant quand elles le peuvent. Les seules cellules sanguines à avoir un noyau et de l'ADN sont les globules blancs. Par conséquent, les données d'expression génique proviendront uniquement de ces cellules.

Les cinq variables suivantes concernent les globules rouges. Ces cellules sont les composantes principales du sang car elles permettent de transporter l'oxygène par le biais de l'hémoglobine entre les différents organes et tissus. La première nous donne la concentration en globules rouges en T/L, notée "**GR**". La deuxième correspond au volume globulaire moyen en fL (femto = 10^{-15}), noté "**VGM**" qui nous informe du volume moyen des globules rouges. La troisième, appelée "**Hct**", nous donne l'hématocrite qui est le pourcentage du volume de globules rouges dans le sang par rapport au volume total. La quatrième est la concentration d'hémoglobine en g/dL, notée "**Hgb**". La dernière, notée "**IDR_SD**", correspond à l'indice de distribution des globules rouges qui correspond à l'écart type sur ces cellules.

Les trois variables suivantes sont associées aux plaquettes sanguines. Leurs rôles consistent à maintenir le sang à l'intérieur des vaisseaux sanguins lorsque ceux-ci sont blessés. La première variable, notée "**Plt**", correspond à la concentration sanguine de plaquettes en T/L de nos échantillons. La deuxième variable, appelée "**VMP**", nous donne le volume plaquettaire moyen en fL, autrement dit le volume moyen des plaquettes. La dernière nous donne l'indice de distribution des plaquettes, noté "**IDP**".

Les trois variables suivantes sont liées à la régulation du métabolisme énergétique, autrement dit au maintien de l'équilibre entre les différents composants au sein de l'organisme. La première variable nous donne la concentration en glucose en mmol/L, appelée "**Gluc**", qui est un sucre. Le glucose est utilisé par l'organisme pour produire de l'énergie, ou il est stocké dans l'organisme dans l'attente d'être utilisé. La deuxième variable, notée "**AGL**", correspond à la concentration des acides gras libres dans nos échantillons en mmol/mL. Il s'agit des acides gras qui ne sont pas liés à d'autres molécules, ils sont également utilisés dans la production d'énergie. La dernière variable est la concentration en cortisol en ng/ml, appelée "**cortisol**" dans le jeu de données. Nous avons déjà expliqué l'effet du cortisol sur l'organisme d'une truie dans la partie 2.4.

Les deux dernières variables sont appelées "**Bil**" et "**Temp**". Elles correspondent à la concentration de la bilirubine en $\mu\text{mol/mL}$ et à la température de la truie en degré Celsius. La bilirubine est un pigment jaune produit par la dégradation de l'hémoglobine ou d'autres hémoprotéines. La température dépend de l'activité de l'organisme.

Un résumé de ces variables se trouve dans l'annexe A.

6. Nettoyage des données de biologie clinique (*Biologie*)

6.1. Imputation

Une première analyse des données disponibles a permis de mettre en valeur des anomalies au niveau de la normalisation et de l'imputation des données initiales. J'ai donc repris cette partie.

Après avoir testé les fonctions `impute.knn` du package `impute`¹, `impute.knn` du package `VIM`² et `knnImputation` du package `DMwR`, cette dernière a été retenue : c'est la seule des trois qui contient l'implémentation standard de l'imputation par k plus proches voisins et les résultats obtenus étaient les plus cohérents avec les valeurs déjà observées.

6.2. Normalisation des données de biologie clinique

Une fois ces modifications faites, nous nous sommes intéressés aux méthodes de normalisation utilisées. Lors de la création du fichier *Biologie* avant le début de ce stage, un effet de la variable "**Bande**" avait été constaté sur les données, qui correspond à la bande d'élevage de l'animal. Une normalisation médiane sur la variable "**Bande**" a donc été effectuée pour toutes les variables de biologie clinique à l'exception du cortisol.

¹Disponible sur [Bioconductor](#)

²Disponible sur le [CRAN](#)

Troisième partie .
Travail effectué

7. Analyse des données de biologie clinique (*Biologie*)

7.1. Analyse préliminaire des évolutions par rapport aux pas de temps

Afin d’avoir un premier regard sur la variation des différentes données biologiques en fonction des pas de temps, nous les avons représentées à l’aide de boxplot. Dans un premier temps, nous avons récapitulé les données concernant les poids (figure 7.1). On constate que le poids augmente rapidement après la naissance des individus.

Les effectifs par père ont été retranscrits dans le tableau 7.1. Deux individus avec deux mères différentes ne peuvent pas avoir deux pères identiques.

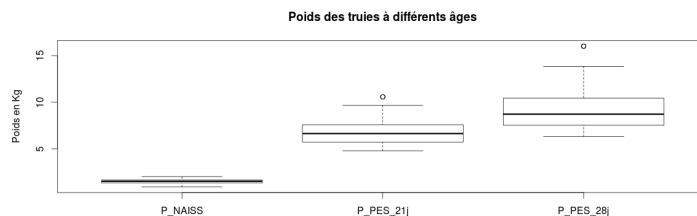


FIGURE 7.1. – Boxplot des différents poids

Label abrégé de la variable “N_nat_p”	102304	102977	103653	106895	109701	10T639
Effectif individus	2	2	2	2	3	4
Label abrégé de la variable “N_nat_p”	200996	201595	202113	202662	206555	20B103
Effectif individus	3	2	2	2	3	3

TABLE 7.1. – Tableau des effectifs par rapport à la variable “N_nat_p”

Dans un premier temps, nous nous sommes intéressés aux variables associées au système immunitaire (figure 7.2).

On remarque une chute de la concentration en globules blancs jusqu’à $t = +4h$ ainsi qu’une variance plus grande qu’à $t = 0$. A $t = +24h$, cette concentration est devenue plus élevée qu’à $t = 0$. Pour la variable “p_Lym”, on constate une oscillation des valeurs avec une hausse à $t = +1h$ suivi d’une baisse à $t = +4h$ pour, au final, se rapprocher de sa valeur initiale à $t = +24h$. Pour le ratio monocytes/globules blancs on observe une augmentation de la médiane et de la variance à $t = +4h$ suivi d’une baisse vers sa valeur initiale à $t = +24h$. Pour la variable “p_N_Gr”, on constate une baisse du ratio dès $t = +1h$ suivi d’une augmentation à $t = +4h$ de la médiane et de la variance. Comme pour les variables précédentes, ce ratio se rapproche de ces valeurs initiales à $t = +24h$. Nous regardons maintenant le ratio entre les variables “p_Lym” et “p_N_Gr” (figure 7.3). On constate que à $t = +1h$, la médiane du ratio augmente

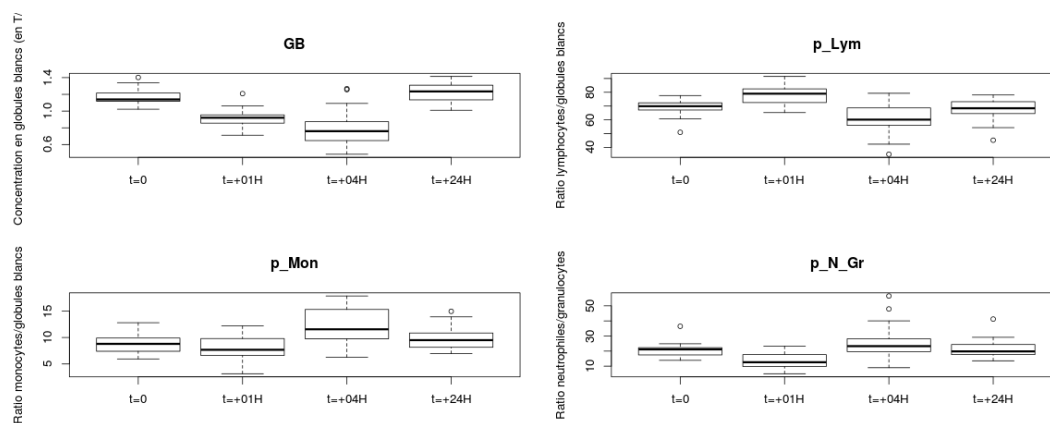


FIGURE 7.2. – Boxplot des variables en rapport avec les globules blancs par pas de temps

significativement pour ensuite descendre en dessous de sa valeur initiale à $t = +4h$ et remonter légèrement au dessus à $t = +24h$. Ces variations sont dues à une redistribution des différents types de globules blancs dans les tissus pour combattre le stress provoqué par l'injection de LPS.

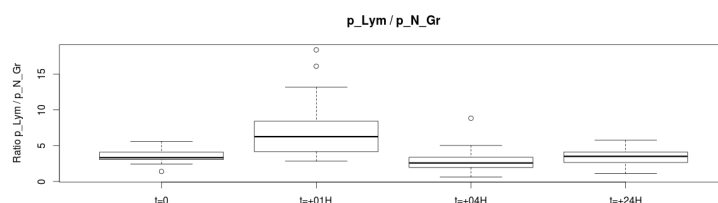


FIGURE 7.3. – Boxplot des ratios entre les variables “p_Lym” et “p_N_Gr” par pas de temps

Ainsi, l'évolution de ces variables prouvent que l'expérience de stress a eu un impact sur le système immunitaire des cochons.

Ensuite, nous avons représenté les variables ayant un lien avec les globules rouges (figure 7.4). On constate que la concentration en globules rouges voit sa médiane et sa variance augmenter jusqu'à $t = +4h$. A $t = +24h$, sa médiane est légèrement inférieure à celle à $t = 0$. Cette variable réagit de manière opposée à la concentration en globules blancs. La médiane de la variable “VGM” reste sensiblement identique à tous les pas de temps sauf à $t = +24h$ où elle est inférieure. Pour l'hématocrite, on constate une augmentation de la variance et de la médiane à $t = +4h$ suivi d'une diminution importante de ses deux valeurs à $t = +24h$. On a alors une médiane inférieure à celle à $t = 0$. On fait la même constatation pour la variable “Hbg”. L'indice de distribution des globules rouges, lui, voit sa médiane diminuer par rapport à sa valeur initiale pour tous les pas de temps. Ainsi, l'injection de LPS a également eu une influence sur les données reliées aux globules rouges.

Les variables suivantes que nous avons analysées sont celles associées aux plaquettes (figure 7.5). Pour la variable “Plt”, nous constatons une baisse significative de la médiane jusqu'à $t = +24h$. Pour la variable “VMP”, on constate une augmentation de la médiane à $t = +1h$, qui va rester stable à $t = +4h$ pour finir par de nouveau augmenter à $t = +24h$. La variable “IDP” montre une augmentation de la médiane à partir du pas de temps $t = 0$. Cette variable semble avoir la réaction opposée à la concentration sanguine de plaquettes. Donc les plaquettes ont sûrement été affectées par l'injection de LPS.

Ensuite nous avons représenté les variables en rapport avec la régulation de la glycémie (figure 7.6). On constate une forte diminution de la concentration de glucose jusqu'à $t = +4h$, ce qui nous indique que l'organisme des cochons a consommé beaucoup d'énergie. Cette donnée

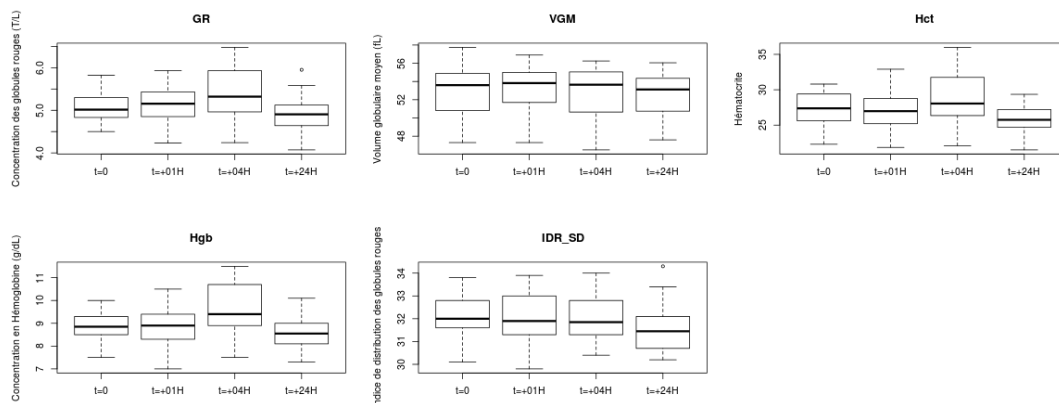


FIGURE 7.4. – Boxplot des variables en rapport avec les globules rouges par pas de temps

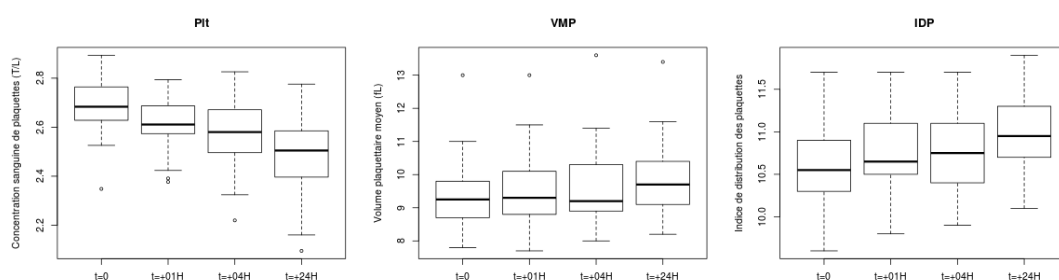


FIGURE 7.5. – Boxplot des variables en rapport avec les plaquettes par pas de temps

augmente à $t = +24h$ car le corps réapprovisionne son stock de glucose. A l'inverse, on constate une forte augmentation de la médiane et de la variance jusqu'à $t = +4h$ pour la variable "AGL". La concentration en acides gras libres se rapprochent de ses valeurs à $t = 0$ pour $t = +24h$. Pour la concentration en cortisol, on constate une forte augmentation à $t = +1h$ suivi d'une autre à $t = +4h$ pour la majorité des individus. Quelques individus ont eu un pic de concentration de cortisol à $t = +1h$, nous montrant ainsi une variabilité de réponse face à l'injection. A $t = +24h$, le taux de cortisol a une médiane légèrement inférieure à celle pour $t = 0$. Donc la régulation de la glycémie a été impactée par l'expérience de stress. De plus, on constate une forte activité de l'axe HPA par l'évolution de la variable "cortisol".

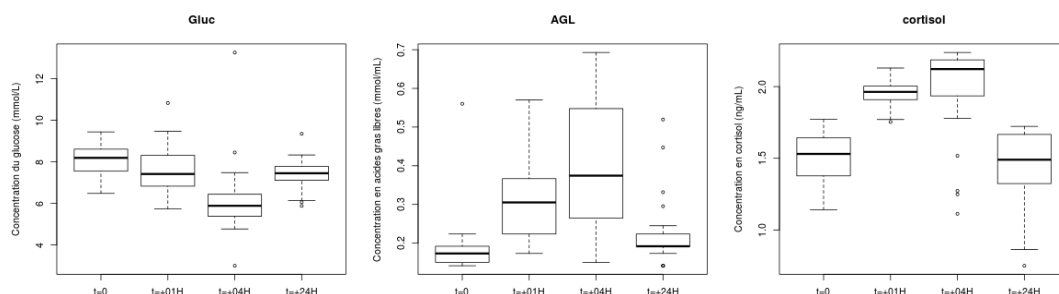


FIGURE 7.6. – Boxplot des variables en rapport avec la régulation du métabolisme énergétique par pas de temps

Pour finir, nous avons regardé l'évolution des deux dernières variables : "Bil" et "Temp" (figure 7.7). Pour la variable "Bil", on constate une légère augmentation à $t = +1h$ et à $t = +4h$

accompagnée d’une variance très large des valeurs. Cette augmentation est essentiellement due à un effet toxique du LPS sur le foie. A $t = +24h$, la médiane est très proche de 0, ce qui indique une activité de destruction des cellules quasiment nulle pour la majorité des cochons. Pour la température, on constate une augmentation de presque 2 degrés en moyenne entre $t = 0$ et $t = +4h$, ce qui indique une réponse de fièvre face à l’injection de LPS. Cette variable retourne autour de 39 degrés pour $t = +24h$. Donc ces variables montrent également l’influence de l’injection de LPS sur l’organisme.

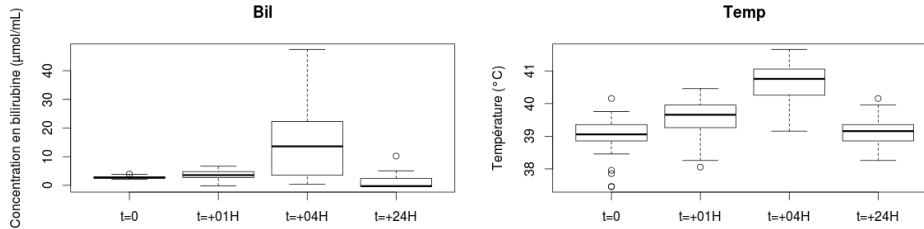


FIGURE 7.7. – Boxplot des variables “Bil” et “Temp” par pas de temps

Ainsi, ce jeu de données montre que cette expérience de stress a eu un fort impact sur l’organisme des cochons dans les 24 heures qui ont suivi l’injection. De plus, cette première analyse laisse penser que le pic de réaction de l’organisme face à l’expérience de stress se trouve à $t = +4h$ au vu du nombre de variables ayant un pic à ce pas de temps. Nous ferons des analyses préliminaires plus approfondies lors de la réalisation d’une ACP.

On regarde également les corrélations entre les différentes variables quantitatives. Dans un premier temps, on regarde pour le jeu de données complet, sans distinction de pas de temps (figure 7.8). On récapitule les corrélations les plus importantes dans le tableau 7.2.

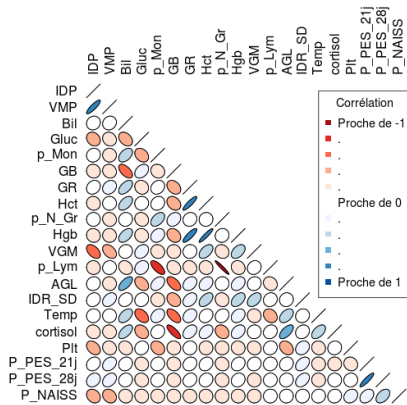


FIGURE 7.8. – Représentation des corrélations indépendamment des différents pas de temps (plus l’ellipse est fine, plus la corrélation est importante)

Variable 1	P_PES_28j	p_Lym	Hct
Variable 2	P_PES_21j	p_N_Gr	GR
Corrélation	0,894	-0,959	0,887

Variable 1	Hgb	Hgb	cortisol	IDP
Variable 2	GR	Hct	GB	VMP
Corrélation	0,836	0,927	-0,783	0,867

Variable 1	p_Lym	AGL	AGL
Variable 2	p_Mon	Bil	cortisol
Corrélation	-0,679	0,637	0,617

TABLE 7.2. – Tableau des corrélations les plus fortes pour les variables de biologie clinique indépendamment des différents pas de temps

La première corrélation était prévisible car le poids, à un jour donné, est obligatoirement influencé par le poids de ce même individu quelques jours auparavant. La corrélation négative entre “p_Lym” et les autres types de globules blancs nous indique que la proportion de lymphocytes varie en sens inverse à la proportion des autres globules blancs. Cette constatation est logique car il s’agit de deux proportions de cellules parmi les globules blancs. La corrélation entre “Hgb”, “Hct” et “Gr” est due à leur définition. En effet, ces trois variables sont liées

aux globules rouges. Concernant la corrélation négative entre le cortisol et la concentration en globules blancs, elle peut signifier que le cortisol aurait une influence sur le système immunitaire de ces cochons ou seulement que la cinétique de réponse est la même. Enfin la corrélation entre “IDP” et “VMP” nous indique que le volume plaquettaire moyen est relié à l’indice de distribution des plaquettes. Si on regarde la figure 7.8, on constate que la concentration d’acide gras libres est aussi légèrement relié au cortisol dans le sang avec une corrélation de 0,617 et à la concentration de bilirubine avec une corrélation de 0,637. Ces constatations peuvent s’expliquer par la dégradation des lipides (ou lipolyse) causée par le cortisol. Cependant les corrélations sont trop faibles pour l’affirmer.

Nous allons maintenant regarder les corrélations des variables de biologie clinique pour chaque pas de temps dans les figures 7.9, 7.10, 7.11 et 7.12 ainsi que dans les tableaux 7.3, 7.4, 7.5 et 7.6.

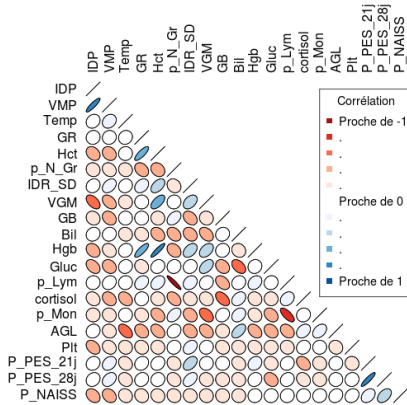


FIGURE 7.9. – Représentation des corrélations au pas de temps $t = 0$

Variable 1	p_Lym	p_Lym	Hct
Variable 2	p_N_Gr	p_Mon	GR
Corrélation	-0,929	-0,709	0,800

Variable 1	Hgb	Hgb	Hct	IDP
Variable 2	GR	Hct	VGM	VMP
Corrélation	0,796	0,902	0,601	0,886

TABLE 7.3. – Tableau des corrélations les plus fortes pour les variables de biologie clinique à $t = 0$

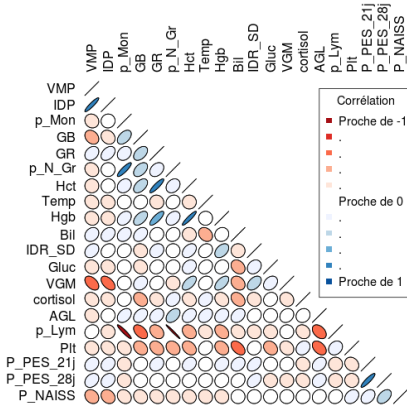


FIGURE 7.10. – Représentation des corrélations au pas de temps $t = +1h$

Variable 1	p_Lym	p_Lym	p_Mon
Variable 2	p_Mon	p_N_Gr	p_N_Gr
Corrélation	-0,941	-0,985	0,873

Variable 1	Hct	Hgb	Hgb	IDP
Variable 2	GR	GR	Hct	VMP
Corrélation	0,881	0,789	0,922	0,919

TABLE 7.4. – Tableau des corrélations les plus fortes pour les variables de biologie clinique à $t = +1h$

On retrouve de fortes corrélations pour chaque pas de temps pour les variables “p_Lym” et “p_N_Gr”, “Hct” et “GR”, “Hct” et “Hgb” ainsi que “IDP” et “VMP”. La corrélation entre “Hgb” et “GR” est inférieure en valeur absolue à 0.75 seulement pour le pas de temps $t = +24h$.

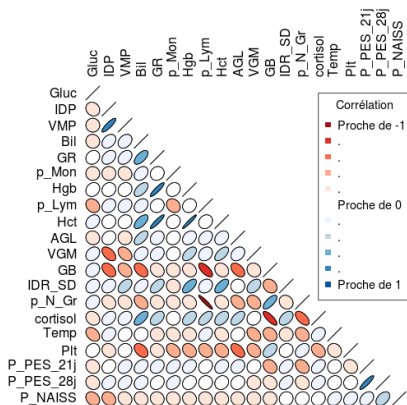


FIGURE 7.11. – Représentation des corrélations au pas de temps $t = +4h$

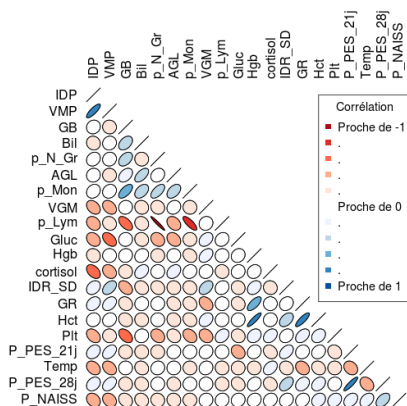


FIGURE 7.12. – Représentation des corrélations au pas de temps $t = +24h$

La variable “**p_Mon**” est corrélée positivement avec “**p_N_Gr**” au pas de temps $t = +1h$ et négativement avec “**p_Lym**” au pas $t = 0/ +1/ +24h$. Ces corrélations sont dues au fait que toutes ces variables nous renseignent sur des ratios de différents types de globules blancs par rapport à la concentration totale de globules blancs. Enfin, à $t = +4h$, on retrouve les corrélations entre le cortisol et la proportion de globules blancs mais aussi avec la concentration de bilirubine.

7.2. Analyse en Composantes Principales

La première méthode d’analyse appliquée à ce jeu de données, composé de 120 observations et 21 variables, est une ACP ordinaire, ou analyse en composantes principales. Il s’agit d’un premier test pour voir si les individus sont séparés par pas de temps. Par choix, les variables concernant le poids et l’identifiant du père ont été posées en variables supplémentaires ainsi que les 2 observations absentes du jeu de données d’expression de gènes en individus supplémentaires. Par conséquent, l’ACP est effectuée avec 118 observations et 18 variables. La représentation graphique du pourcentage d’inertie expliquée pour chaque composante de l’ACP (figure 7.13) suggère de conserver les quatre premières composantes, soit 71,83%.

L’identifiant du père de l’animal étant posé en variable supplémentaire, une représentation des individus par l’ACP sur le jeu de données *Biologie*, à laquelle on a rajouté à l’aide d’un code couleur l’information sur l’identité du père (figure 7.14), permet de confirmer le fait que la variable qualitative “**N_nat_p**” n’a aucune influence sur ce jeu de données. Elle ne sera donc

Variable 1	GB	p_Lym	Hct	Hgb
Variable 2	p_N_Gr	p_N_Gr	GR	GR
Corrélation	0,703	-0,945	0,913	0,898

Variable 1	Hgb	Hct	Hct	Hgb
Variable 2	Hct	Bil	IDR_SD	IDR_SD
Corrélation	0,958	0,613	0,602	0,613

Variable 1	cortisol	Bil	IDP	cortisol
Variable 2	GB	GR	VMP	Bil
Corrélation	-0,792	0,624	0,862	0,626

TABLE 7.5. – Tableau des corrélations les plus fortes pour les variables de biologie clinique à $t = +4h$

Variable 1	GB	p_Lym	p_Lym
Variable 2	p_Mon	p_Mon	p_N_Gr
Corrélation	0,614	-0,780	-0,966

Variable 1	GR	Hct	Hgb	IDP
Variable 2	Hgb	GR	Hct	VMP
Corrélation	0,676	0,826	0,887	0,818

TABLE 7.6. – Tableau des corrélations les plus fortes pour les variables de biologie clinique à $t = +24h$

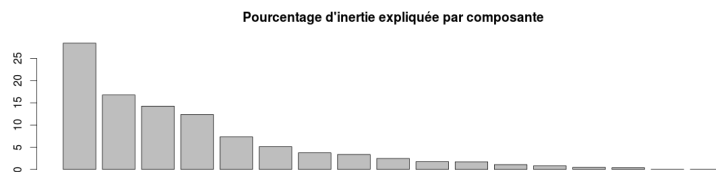


FIGURE 7.13. – Pourcentage d’inertie expliquée par composante

pas pris en compte dans la suite de l’étude.

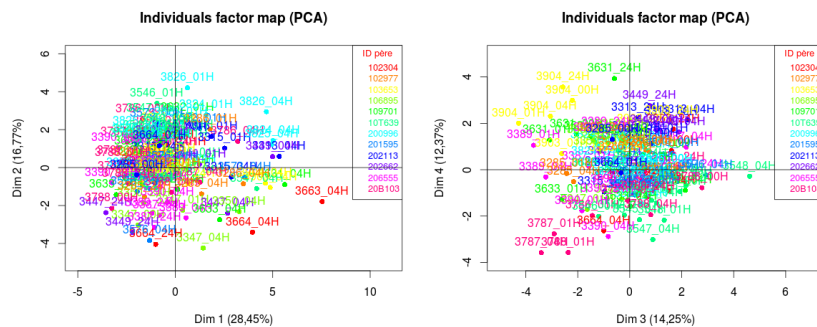


FIGURE 7.14. – Représentations de la variable “*N_{nat_p}*” sur les composantes de l’ACP sur *Biologie*

Avant toute analyse des axes de l’ACP, il est nécessaire de regarder si les observations sont bien regroupées par pas de temps et surtout si elles sont assez démarquées pour pouvoir caractériser chacun de ces pas (figure 7.15). Or, on constate que seul le pas de temps $t = +4h$ arrive à totalement se démarquer des autres pas de temps. Donc cette analyse permet de mettre en avant le fait que l’organisme semble réagir le plus fortement à l’expérience de stress à $t = +4h$. Selon la représentation des variables sur les composantes 1 et 2 (figure 7.16), ce pas de temps est caractérisé par les variables “**Temp**”, “**GR**”, “**Hbg**”, “**Hct**”, “**Bil**” ainsi que légèrement par la variable “**cortisol**”. Elle est aussi caractérisé par sa faible concentration de globules blancs. Cependant, ces représentations permettent d’isoler uniquement un seul pas de temps. Les autres, bien que regroupés et avec un début de séparation entre $t = +1h$ et $t = +4h$, ne peuvent pas être caractérisés. Aussi, une nouvelle analyse va être faite sur ce jeu de données afin de pouvoir caractériser tous les pas de temps.

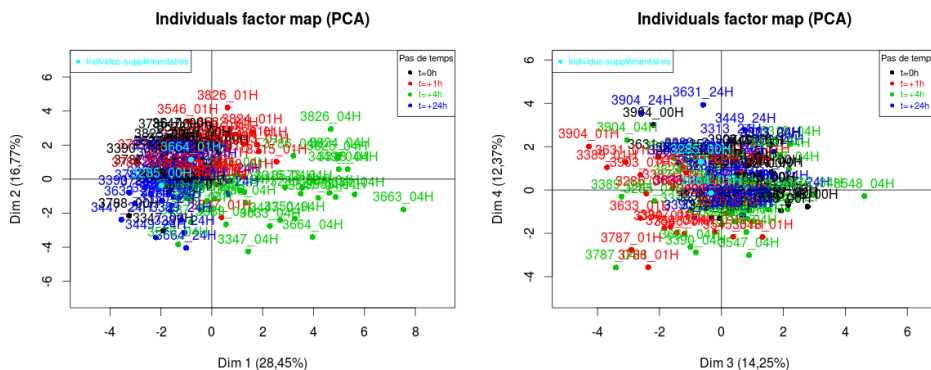


FIGURE 7.15. – Représentations de la variable “*Condition*” sur les composantes de l’ACP sur *Biologie*

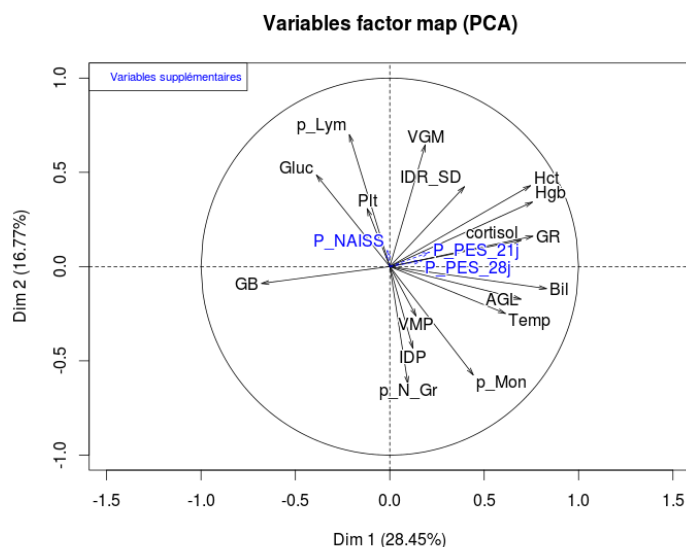


FIGURE 7.16. – Représentations des variables sur les composantes 1 et 2 de l’ACP sur *Biologie*

7.3. ACP multi-niveaux

La représentation du pourcentage d’inertie expliquée par composante (figure 7.17) semble indiquer que conserver 4 composantes, soit 77,72% d’inertie, serait la meilleure solution. Cependant la quatrième composante ne permet aucune distinction entre les différents pas de temps. Aussi, l’étude sera effectuée avec seulement 3 composantes, soit 69,01% d’inertie expliquée.

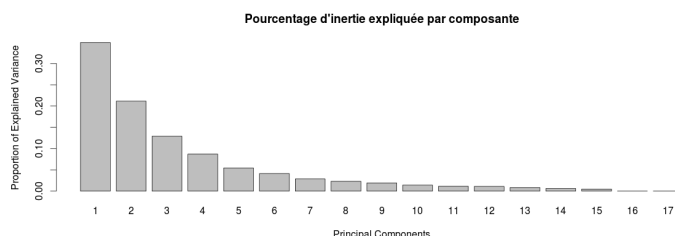


FIGURE 7.17. – Pourcentage d’inertie expliquée par composante

Les représentations des individus (figure 7.18) montre que les observations sont regroupées par pas de temps et que chaque groupe est isolé dans au moins l’une des représentations de l’ACP. Cependant deux observations semblent se démarquer. Il s’agit de la truie 3315 au pas de temps $t = +1h$ pour les représentations 1/3 et 2/3 et de la truie 3347 au pas de temps $t = +24h$ pour les représentations 1/2 et 2/3. Ces observations ont été étudiées de plus près lors de la réalisation de l’ACP et il a été admis qu’il s’agissait uniquement d’individus avec des comportements légèrement atypiques.

La première composante sépare les pas de temps $t = 0$, $t = +1h$ et $t = +24h$ du pas de temps $t = +4h$. Ce dernier est caractérisé par les variables “Temp”, “AGL”, “Bil”, “cortisol”, “Hgb”, “Hct”, “Gr” et “Hct”, qui atteignent tous leurs valeurs maximales à ce pas de temps. Ces variables concernent différentes parties de l’organisme des individus. En effet, on retrouve des variables concernant les globules rouges et la glycémie mais aussi la température. De plus, ce pas de temps est opposé à la variable “GB”, ce qui implique que le système immunitaire est également influencé par l’expérience de stress au pas de temps $t = +4h$. Ainsi les organismes des individus au pas de temps $t = +4h$ subissent des modifications importantes dans tous les groupes de variables observés. La deuxième composante sépare les pas de temps $t = +24h$ et

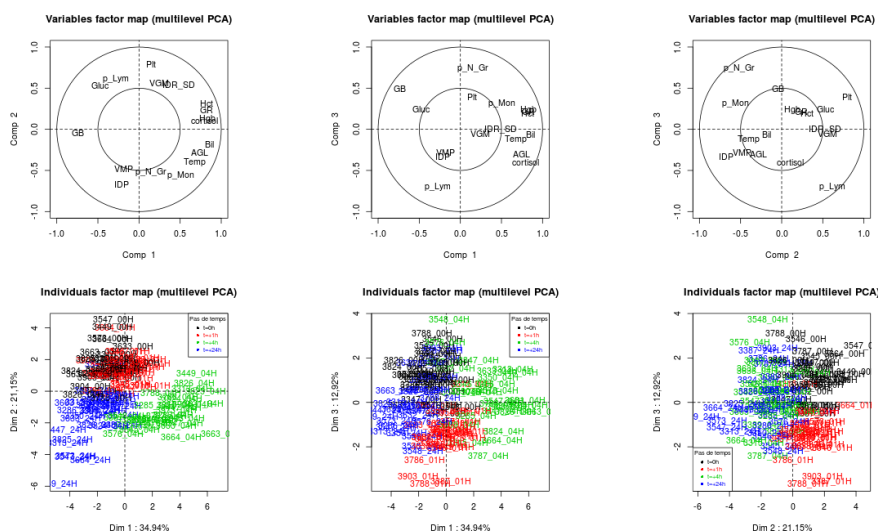


FIGURE 7.18. – Représentations des variables et des individus par l’ACP multi-niveaux

$t = +4h$ des pas de temps $t = 0$ et $t = +1h$. Grâce à la représentation sur ces deux composantes, le pas de temps $t = +24h$ est isolé des autres pas de temps. Il est caractérisé par les variables “IDP” et “GB”, donc par deux variables concernant la taille des plaquettes sanguines et la concentration de globules blancs dans le sang.

L’axe 3 sépare les pas de temps $t = 0$ et $t = +1h$. La représentation sur les composantes 2 et 3 permet donc d’isoler ces deux groupes. Le pas de temps $t = 0$ est caractérisé par la variable “Plt” et $t = +1h$ par “p_Lym”. Ainsi le premier pas de temps est remarquable par sa concentration de plaquettes tandis que le deuxième l’est par sa proportion de lymphocytes parmi les globules blancs. La figure 7.2 avait déjà mis en avant que l’organisme, au pas de temps $t = +1h$, voit sa concentration en globules blancs ainsi que ses proportions en monocytes et granulocytes diminuées tandis que la proportion de lymphocytes augmente.

Ainsi cette ACP nous montre que les pas de temps $t = 0$, $t = +1h$ et $t = +24h$ sont uniquement caractérisés par les globules blancs et les plaquettes mais que, à $t = +4h$, l’organisme semble plus actif au vu du nombre de variables caractérisant ce pas de temps. De plus, on remarque que le cortisol caractérise ce pas de temps. Les représentations des variables montrent que le cortisol ainsi que toutes les autres variables caractérisant le pas de temps $t = +4h$ sont corrélés négativement à la variable “GB” sur la première composante. On remarque aussi que les variables “p_Lym” et “p_N_Gr” sont également corrélées négativement et elles caractérisent la troisième composante. Enfin “Plt” est opposée aux autres variables caractérisant les plaquettes sur la deuxième composante.

7.4. ACP par pas de temps

La réalisation d’ACP par pas de temps a pour but d’observer si des changements de corrélations ou d’oppositions entre les variables sont visibles entre les différents pas de temps. Les représentations des individus ne seront pas présentées car elles ne fournissent aucune information utile pour l’étude. Les représentations des variables ont été faites pour les 4 pas de temps (figure 7.19) mais les pourcentages d’inertie expliquée pour chaque ACP sont faibles, aussi 4 composantes ont été retenues à chaque fois. L’une des premières constatations est que, pour les pas de temps $t = +1h$ et $t = +24h$, la variable “p_Lym” est bien représentée sur au moins l’une des composantes et est toujours opposée à, au moins, une autre variable rattachée au système immunitaire, “p_N_Gr”, “p_Mon” ou “GB”.

Une autre constatation concerne la représentation de la variable “cortisol”. Elle est bien

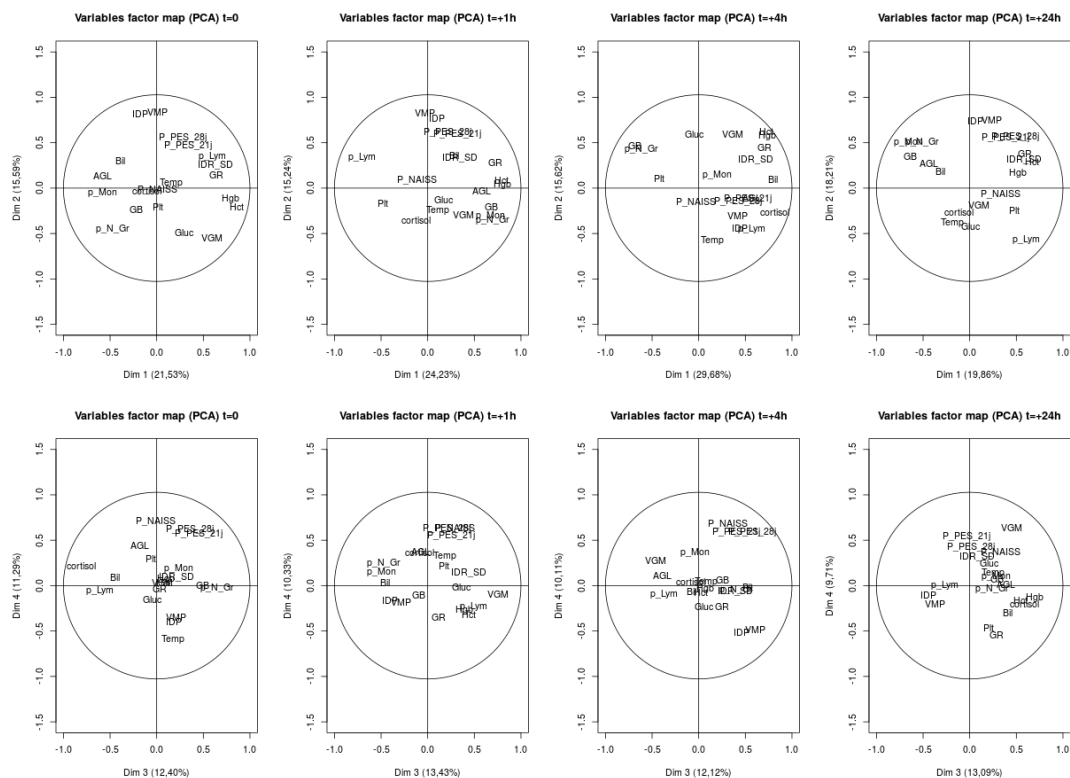


FIGURE 7.19. – Représentations des variables pour les ACP par pas de temps

représentée pour deux pas de temps différents. Pour $t = 0$, grâce à la troisième composante, on constate que “cortisol” semble être opposée à la variable “GB” mais cette dernière n’est pas assez corrélée aux composantes pour qu’on puisse l’affirmer. A $t = +4h$, cette opposition est parfaitement nette sur la deuxième composante, confirmant ainsi la corrélation négative obtenue dans l’analyse préliminaire (partie 7.5). Le temps $t = +4h$ correspond au pic de cortisol : l’ACP met donc en valeur une variabilité individuelle importante de cette variable à ce pas de temps et donc, dans la réponse au stress par LPS.

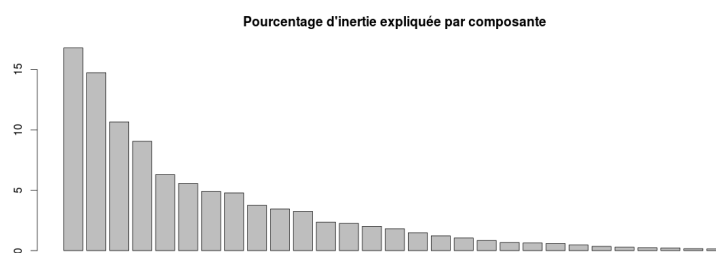


FIGURE 7.20. – Pourcentage d’inertie expliquée par composante

Une autre ACP réalisée sur ce jeu de données est une ACP en prenant seulement les 30 cochons en lignes et les variables de biologie clinique pour chaque pas de temps en colonnes où 3 composantes ont été retenues (figure 7.20). La représentation des variables (figure 7.21) montre que lorsqu’une variable est bien représentée sur les deux premières composantes, les quatre pas de temps sont regroupés. Il s’agit des variables “VGM”, “Hgb”, “Hct”, “VMP” et “IDP”. Ainsi l’évolution de ces variables dépend de ses valeurs passées. La représentation des composantes 3 et 4 nous montre une opposition entre les variables “GB” et “cortisol” au pas de temps $t = +4h$ ainsi qu’entre “p_Lym” et “p_Mon” aux pas de temps $t = +1h$ et $t = +4h$. Ces observations montrent que les cochons ont une certaine individualité dans leur réaction face

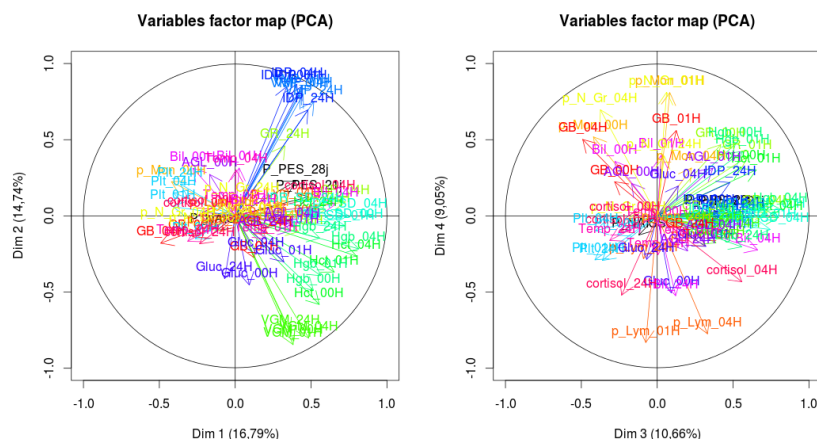


FIGURE 7.21. – Représentations des variables pour l’ACP avec chaque variable à chaque temps

à l’injection. Cependant, les pourcentages d’inertie faibles montrent que la majorité réagit de la même manière. La prochaine étape de cette analyse va consister à rechercher les variables dont l’évolution est significative entre $t = 0$ et $t = +1/ + 4/ + 24h$.

7.5. Recherche de variables dont l’évolution est significative entre $t = 0$ et $t = +1/ + 4/ + 24h$

La suite de notre projet consiste à rechercher les variables dont l’évolution est significative entre $t = 0$ et $t = +1/ + 4/ + 24h$. Des tests de Student appariés ont donc été utilisés après avoir testé la normalité. Si les tests de Shapiro ne validaient pas à chaque fois l’hypothèse de normalité nécessaire pour l’application de ces tests, les tests de Kolmogorov le faisaient. Les p-valeurs ont alors été ajustées à l’aide d’une correction de Benjamini et Hochberg et ont été reportées dans le tableau 7.7. Le seuil retenu est 1%.

Variable	$t = 0/t = +1h$	$t = 0/t = +4h$	$t = 0/t = +24h$
GB	0.000	0.000	0.015
p_Lym	0.000	0.000	0.265
p_Mon	0.017	0.000	0.099
p_N_Gr	0.000	0.017	0.599
ratio p_Lym / p_N_Gr	0.000	0.035	0.742
GR	0.767	0.002	0.055
VGM	0.625	0.004	0.003
Hct	0.785	0.005	0.011
Hgb	0.618	0.000	0.361
IDR_SD	0.956	0.599	0.000
Plt	0.000	0.000	0.000
VMP	0.007	0.002	0.000
IDP	0.001	0.000	0.000
cortisol	0.000	0.000	0.244
Gluc	0.013	0.000	0.000
AGL	0.000	0.000	0.180
Bil	0.001	0.000	0.004
Temp	0.002	0.000	0.154

TABLE 7.7. – P-valeurs des tests de Student corrigées

Toutes les variables ont au moins une évolution significative. De plus, on constate qu'on obtient un maximum de variables significatives entre $t = 0$ et $t = +4h$, nous confortant dans l'idée que le pic de réaction de l'organisme face à l'injection de LPS se trouve à ce pas de temps.

Dans un premier temps, nous allons nous intéresser aux variables associées au système immunitaire. Toutes ces variables n'ont pas d'évolution significative entre $t = 0$ et $t = +24h$. De plus, la variable "p_Mon" est significative uniquement à $t = +4h$ et les variables "p_N_Gr" et le ratio "p_Lym / p_N_Gr" uniquement à $t = +1h$. Seules "GB" et "p_Lym" ont des évolutions significatives à ces deux pas de temps. Ainsi, l'injection de LPS a eu un impact sur le système immunitaire, en particulier sur la concentration de globules blancs et la proportion de lymphocytes. A $t = +24h$, le système immunitaire semble avoir retrouvé un état basal.

Concernant les variables associées aux globules rouges, on ne constate aucune évolution significative entre $t = 0$ et $t = +1h$ alors qu'à $t = +4h$, seule la variable "IDR_SD" n'est pas significative. Cette dernière le devient à $t = +24h$, avec "VGM". Ainsi, les globules rouges semblent également affectés par cette expérience de stress mais plus tardivement que le système immunitaire et sur une durée plus longue.

Concernant les variables associées aux plaquettes sanguines, on constate que toutes les p-values sont significatives. Ainsi, les plaquettes sanguines ont été affectées par cette expérience de stress même 24h après l'injection. Cette constatation est en accord avec les découvertes récentes sur les plaquettes qui tendent à leur donner un rôle lors d'inflammation dans un organisme [5].

Concernant les variables rattachées à la régulation du métabolisme énergétique, on constate que les concentrations en acides gras libres et en cortisol ont des évolutions significatives entre $t = 0$ et $t = +1/ +4h$ tandis que la concentration en glucose l'est entre $t = 0$ et $t = +4/ +24h$. Ainsi, l'activité de l'axe corticotrope après l'expérience de stress est effectivement perturbée sur les pas de temps $t = +1h$ et $t = +4h$. Celle-ci retourne à la normale à $t = +24h$ ainsi que la concentration en acides gras libres. Cependant la concentration de glucose est affectée par l'injection plus longtemps. Enfin, les variables "Bil" et "Temp" ont des évolutions significatives entre $t = 0$ et $t = +1/ +4h$ mais pour $t = +24h$ seule le taux de bilirubine reste significatif.

Au final, le pas de temps ayant le plus de variables avec une évolution significative par rapport à $t = 0$ est $t = +4h$, ce qui nous confirme que l'injection de LPS a eu le plus d'impact sur l'organisme à ce pas de temps. De plus, seules dix variables ont des évolutions significatives entre $t = 0$ et $t = +24h$. Donc, 24 heures après l'expérience, l'organisme tend à retrouver son activité au repos.

8. Analyse exploratoire des données de transcriptome (*Genes*)

8.1. Détection de biais techniques et normalisation des données

La première étude sur ce jeu de données est une ACP ordinaire sur le jeu de données *Genes* au complet, soit 118 observations pour 27837 gènes, afin de détecter les éventuels effets expérimentaux indésirables présents dans nos données. Ils pourront ensuite être enlevés en normalisant les données. Lors de cette analyse, l'étude des variables a été mise de côté car ce n'est pas l'interprétation des axes qui prime ici mais une recherche de variabilité due à des phénomènes extérieurs. A l'aide de la représentation graphique du pourcentage d'inertie expliquée pour chaque composante de l'ACP (figure 8.1), on décide de garder uniquement les deux premières composantes, soit 73,66% d'inertie expliquée.

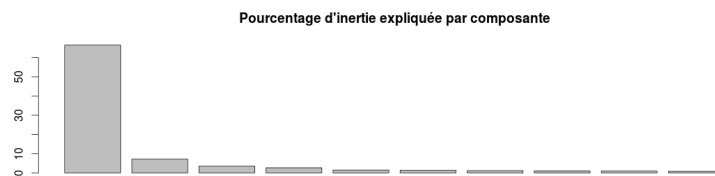


FIGURE 8.1. – Pourcentage d'inertie expliquée pour les 10 premières composantes

Les observations ont été représentées en fonction des différents pas de temps (figure 8.2). La première composante principale permet de différencier les groupes d'observations selon leurs pas de temps, ce qui nous indique que l'expression des gènes aux différents pas de temps est effectivement différente et qu'on peut la caractériser. Cet effet était attendu et voulu pour la suite de l'étude car l'objectif de cette expérience est de connaître les effets de l'injection de LPS sur l'expression des gènes à chaque pas de temps : on remarque donc une forte variabilité de l'expression au cours de l'expérience.

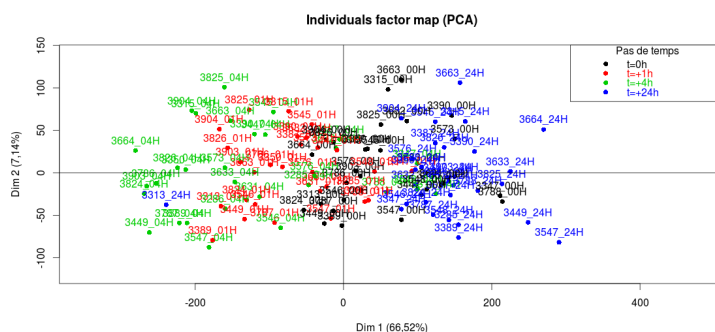


FIGURE 8.2. – Représentation de la variable “Condition” sur l'ACP

Les autres variables de la description de l'expérience vont également être représentées sur ce graphique afin de chercher si elles ont de l'influence sur l'expression des gènes ou non. Ces éventuels effets sont indésirables pour la suite de notre étude car ils ne sont pas dus à l'expérience de stress mais au protocole expérimental. L'individu 3313 va également être étudié car il est atypique au pas de temps $t = +24h$ dans la représentation de la figure 8.2.

8.1.1. Étude des effets “Mere” et “Animal” sur les données

Dans un premier temps, les observations ont été représentées à l’aide de l’ACP en fonction des différents individus et des différentes mères (figure 8.3). Ces variables ne sont pas, à proprement parler, des variables expérimentales mais comprendre si elles expliquent la variabilité du transcriptome est une information importante pour la suite de l’étude.

Pour la variable “**Animal**”, seulement 13 individus ont été représentés, chacun avec des données pour les 4 pas de temps, afin d’obtenir plus de visibilité. Ce graphique a démontré une variabilité individuelle importante pour chaque individu. Pour la variable “**Mere**”, la représentation graphique ne laisse entrevoir aucun regroupement. Donc cette variable n’est pas une source principale de variabilité dans l’expression des gènes.

Dans les analyses de données biopuces, il est classique d’effectuer une normalisation quantile [3] par observation qui permet de gommer des effets individuels qui sont purement expérimentaux. Ici, celle-ci semble pertinente pour pouvoir étudier l’effet principal (l’évolution temporelle) mais pour éviter de corriger les dynamiques temporelles, qui sont la source de l’étude, une normalisation quantile par “**Animal**” (tous pas de temps confondus) sera préférentiellement utilisée.

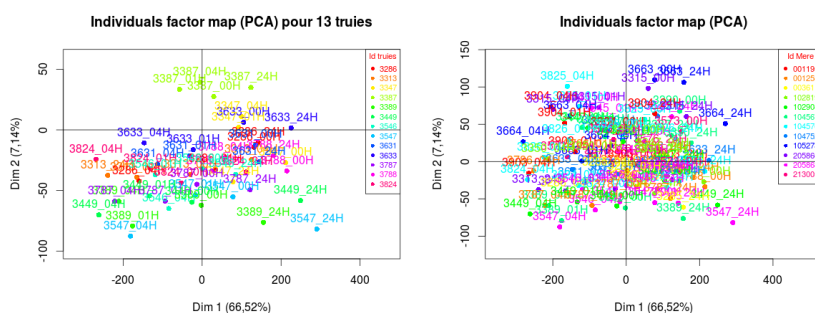


FIGURE 8.3. – Représentation des variables “**Animal**” et “**Mere**” sur l’ACP

8.1.2. Recherche de biais dûs aux variables expérimentales

Les variables suivantes concernent l’expérience et non l’individu. A première vue, les variables “**Extraction**”, “**Bande**” et “**Condition**” n’ont aucune influence visible sur le jeu de données (figure 8.4). Cependant, après un premier essai de normalisation, un effet “**Bande**” est devenu visible. Une normalisation médiane sera effectuée sur cette variable afin de réduire ce biais.

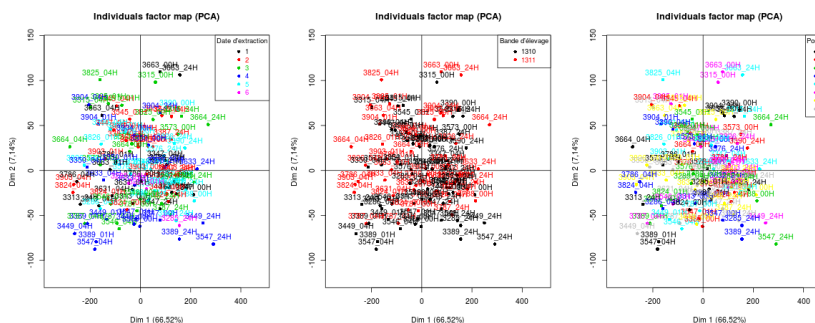


FIGURE 8.4. – Représentation des variables “**Extraction**”, “**Bande**” et “**Position**” sur l’ACP

Des regroupements liés à la deuxième composante principale apparaissent également pour les variables “**Manip**”, “**Lame**” et “**Bain**” (figure 8.5). Ces effets sont indésirables sur nos données car ils n’ont aucun rapport avec l’injection de LPS et peuvent fausser les résultats.

Ces trois variables étant liées par leur définition (une “**Lame**” donnée correspond à une unique “**Manip**” qui contient plusieurs “**Lame**”; de même, une “**Lame**” correspond à un unique “**Bain**”, chaque “**Bain**” contenant plusieurs “**Lame**” et correspondant à une unique “**Manip**”). Une normalisation médiane par lame sera effectuée pour normaliser les données.

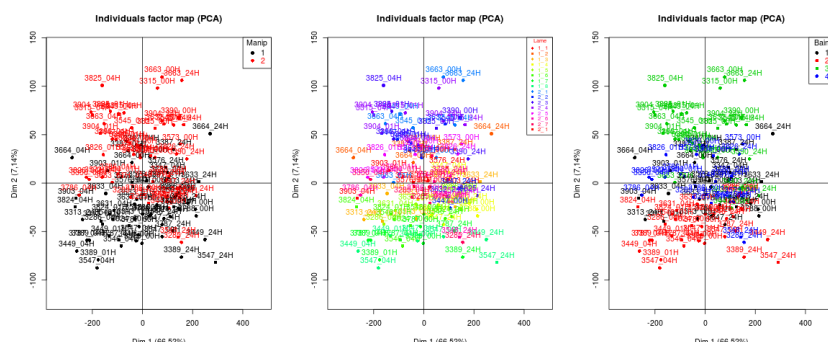


FIGURE 8.5. – Représentation des variables “Manip”, “Lame” et “Bain” sur l’ACP

8.1.3. Identification d’un individu atypique

Sur la Figure 8.2, l’individu 3313 est apparu comme ayant un positionnement atypique. Une recherche est donc nécessaire pour vérifier s’il s’agit d’une valeur aberrante ou non. Pour cela, l’évolution des gènes les plus corrélés avec la première composante au cours du temps a été représentée pour chaque individu ayant des données pour tous les pas de temps (figure 8.6).

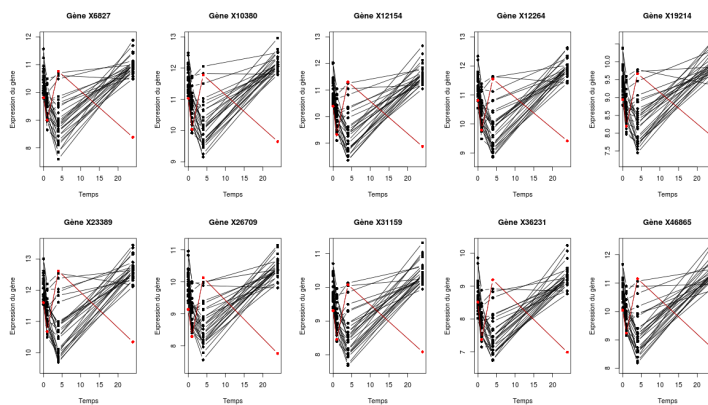


FIGURE 8.6. – Représentation des gènes fortement corrélés avec la première composante avec en rouge l’individu atypique

L’observation de ces différents graphiques permet d’émettre l’hypothèse d’une inversion des données pour cet individu entre les pas de temps $t=+4h$ et $t=+24h$. Après avoir effectué un échange entre ces deux pas de temps (figure 8.7), l’évolution de l’expression des gènes du cochon 3313 semble redevenue normale. Aussi, le reste de ce projet sera effectué en validant cet échange.

8.1.4. Normalisation des données

L’ACP précédente a permis de repérer les variables créant un biais technique sur les données d’expression de gènes. La prochaine étape est d’appliquer des méthodes de normalisation afin de les réduire le plus possible, voire de les effacer. Deux méthodes de normalisation ont été

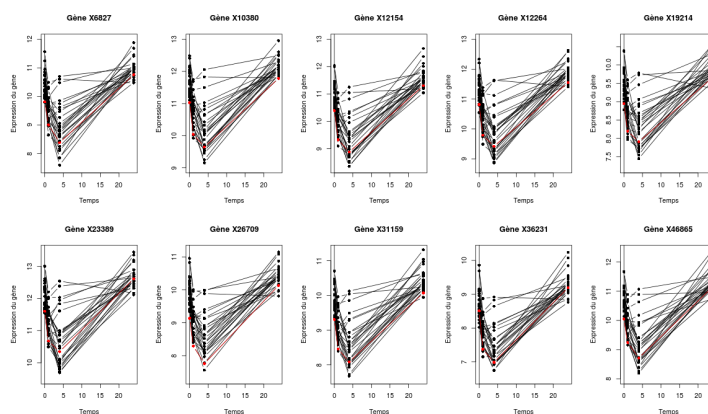


FIGURE 8.7. – Représentation des gènes fortement corrélés avec la première composante avec en rouge l’individu atypique après correction

utilisées : la normalisation médiane pour les variables “**Bande**” et “**Lame**” et la normalisation quantile pour la variable “**Animal**”. Cependant, pour réaliser une normalisation quantile, chaque individu doit posséder des données pour les quatre pas de temps. Aussi, la matrice des données d’expression génique a été transformée de manière à obtenir les variables pour les quatre pas de temps en colonne, soit 111348 variables, et les 30 cochons en ligne. Ainsi, on a pu effectuer une imputation avec les $k = 5$ plus proches voisins.

Une fois les observations manquantes remplacées, les normalisations médianes sur les bandes d’élevage et les lames ont été effectuées. Ensuite, une normalisation quantile par animal a été appliquée comme décrit dans l’article [3].

8.2. ACP ordinaire sur les données normalisées

Une nouvelle ACP a été réalisée après la normalisation afin de vérifier si les différents biais observés dans la première ACP ont bien disparu des données d’expression génique. De nouveau, seulement deux composantes ont été conservées (figure 8.8). Cependant le pourcentage d’inertie expliquée a légèrement augmenté en passant à 73,92%.

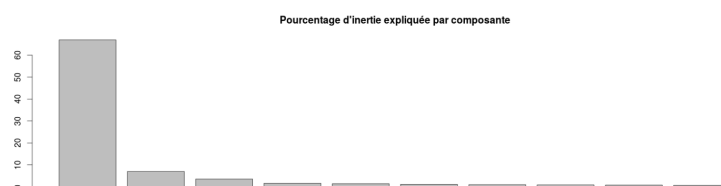


FIGURE 8.8. – Représentation du pourcentage d’inertie expliquée pour les 10 premières composantes

De nouveau, une séparation apparaît entre les deux types de pas de temps sur la première dimension (figure 8.9). La variabilité principale de l’expression provient donc de l’évolution de l’organisme suite à injection de **LPS**. La deuxième dimension ne permet pas de séparation entre les différents pas de temps.

On vérifie maintenant que les biais observés ont disparu de l’ACP. Les variables non influentes à la base le sont toujours après normalisation (figure 8.10).

L’effet de la variable “**Animal**” sur le jeu de données a été effacé par la normalisation quantile (figure 8.11). De plus, la variable “**Mère**” reste non influente.

Pour finir, les variables ayant précédemment causées des biais techniques sont devenus non influente sur la représentation des individus (figure 8.12). Ainsi, la normalisation des données

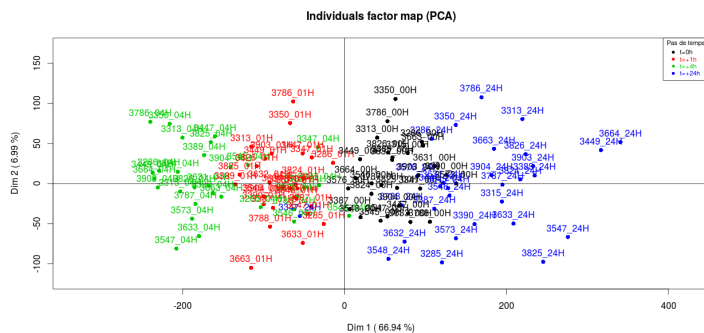


FIGURE 8.9. – Représentation des individus normés selon la variable “Condition”

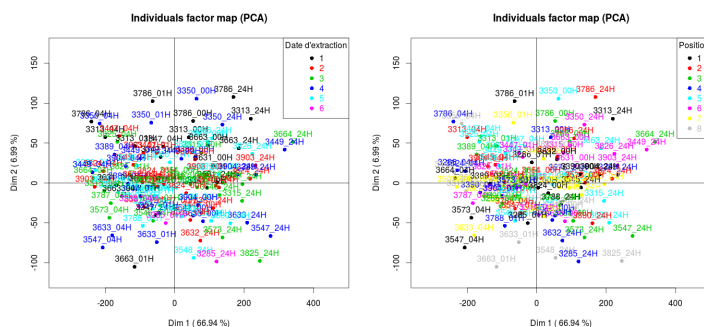


FIGURE 8.10. – Représentation des individus normés selon les variables “Extraction” et “Position”

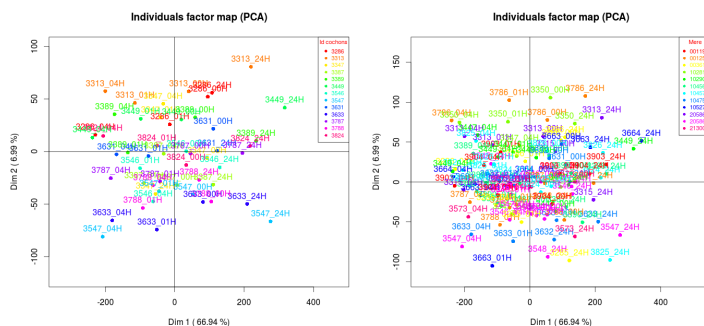


FIGURE 8.11. – Représentation des individus normés selon les variables “Animal” et “Mere”

d’expression de gènes est une réussite. La suite des analyses sur ce jeu de données ne sera donc pas faussée par des effets indésirables.

8.3. ACP multi-niveaux

Trois composantes principales seront conservées pour cette ACP (figure 8.13), soit 82,03% d’inertie expliquée.

La représentation des individus par pas de temps (figure 8.14) est plus intéressante pour l’ACP multi-niveaux que pour l’ACP ordinaire. En effet, si la première composante sépare de nouveau les pas de temps $t = 0$ et $t = +24h$ des pas de temps $t = +1h$ et $t = +4h$ et que la deuxième n’est toujours pas discriminante pour la variable “Condition”, la troisième composante se révèle utile. Elle permet de séparer les pas de temps $t = +1h$ et $t = +4h$. Ainsi, cet axe indique qu’il est possible de caractériser ces deux pas de temps de manière différente,

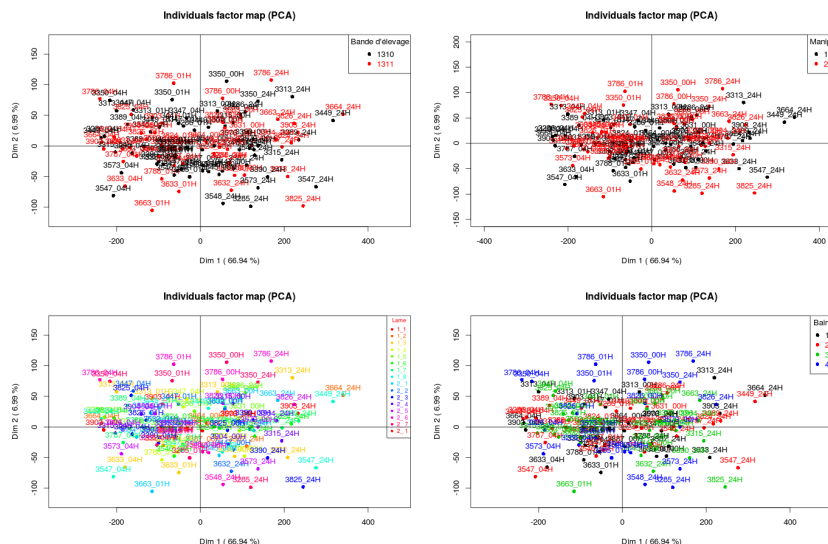


FIGURE 8.12. – Représentation des individus normés selon les variables “Bande”, “Manip”, “Lame” et “Bain”

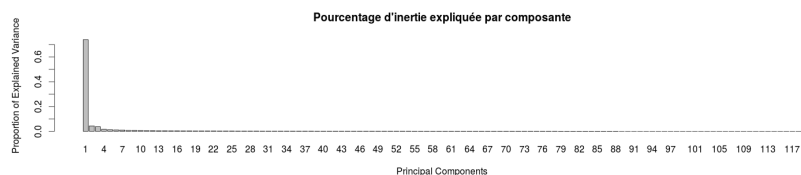


FIGURE 8.13. – Pourcentage d’inertie expliquée par composante

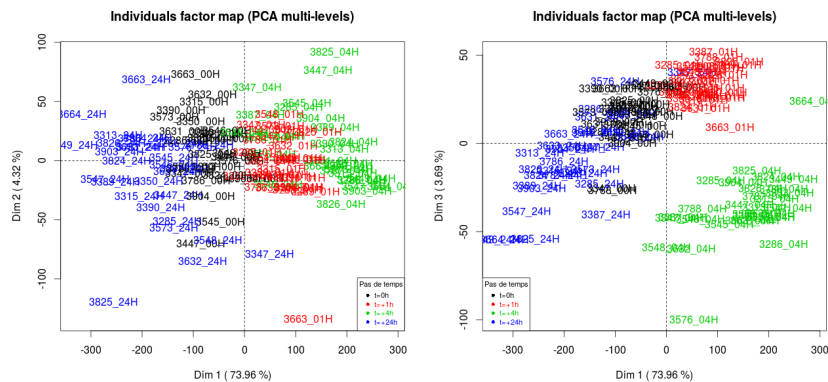


FIGURE 8.14. – Représentations des individus par l’ACP multi-niveaux

ce qui nous sera utile pour la suite de notre étude.

Vu que les composantes 1 et 3 permettent de séparer les différents pas de temps, les gènes ayant une corrélations supérieure à 99% avec la première composante ont été relevés (annexe B) : 204 gènes répondent à ce critère. La représentation graphique (figure 8.15) montre qu’ils sont tous corrélés négativement. Ainsi, il y aurait une sous-expression de ces gènes aux pas de temps $t = +1h$ et $t = +4h$. Il faut attendre 93% pour voir apparaître 2 gènes corrélés positivement. Aussi une représentation avec une limite à 80% a été effectuée afin d’avoir une vue plus large des corrélations (figure 8.15). On a alors 20684 gènes (74% des gènes) corrélés négativement et 195 gènes corrélés positivement.

Pour la troisième composante, on retrouve 0 gène corrélé à plus de 99%. Ce n’est qu’à partir de 94% qu’on obtient 2 gènes corrélés négativement. Une représentation des gènes (figure 8.16)

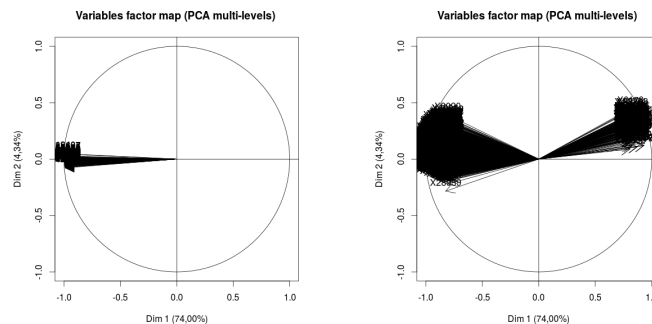


FIGURE 8.15. – Représentation des variables avec une corrélation supérieure à 99% (à gauche) et 80% (à droite) avec la première composante sur le plan 1/2

ayant une corrélation supérieure à 80%, soit 121 gènes (liste des 121 gènes dans l'annexe C), a montré que cette composante est définie uniquement par ses corrélations négativement. Cette constatation indique une sur-expression de ces gènes à $t = +4h$, qui correspond au pas de temps où l'organisme est le plus impacté par l'expérience de stress.

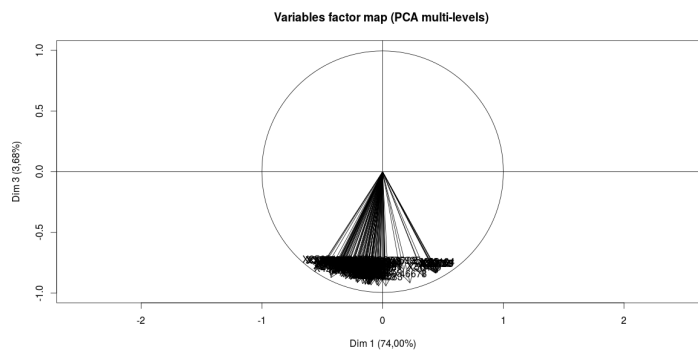


FIGURE 8.16. – Représentation des variables avec une corrélation supérieure à 80% (à droite) avec la troisième composante sur le plan 1/3

La prochaine étape pour l'étude des données d'expression génique est la recherche de gènes différentiellement exprimés entre $t = 0$ et $t = +1/ + 4/ + 24h$. Ceux-ci sont les gènes dont l'expression varie au cours de l'expérience donc, suite à l'injection de LPS : ce sont donc des gènes dont l'expression est impactée par l'injection.

9. Recherche des gènes différentiels (*Genes*)

9.1. Différentes méthodes de sélection

L’objectif de cette recherche est d’identifier les gènes ayant des évolutions significatives durant l’expérience afin de comprendre l’influence de l’injection de LPS sur l’organisme aux différents pas de temps. Pour cela, trois méthodes de sélection ont été appliquées.

La première méthode consiste à réaliser des ANCOVAs pour chaque gène avec comme facteur la variable “**Condition**”¹ et comme covariable le ratio “**p_Lym/p_N_Gr**”. Cette covariable a pour objectif de prendre en compte dans le modèle les différences de répartition entre les différents types de globules blancs lors des prélèvements. Cette donnée est importante car seuls les globules blancs transportent le matériel génétique dans le sang, aussi la modification de leur nature peut avoir, à elle seule, modifié les données d’expression sans que réellement les cellules aient modifié leur comportement en terme d’expression. Un gène i est désigné comme étant différentiel si la variable “**Condition**” apparaît comme étant significative dans le modèle suivant avec $k = 1, \dots, 4$ et $j = 1, \dots, n_k$ avec n_k l’effectif du groupe k :

$$y_{kj}^i = \beta_{k0}^i + \beta_{k1}^i x_{kj} + \epsilon_{kj}^i$$

avec y_{kj}^i l’expression du gène i pour l’individu j du groupe k , x_{kj} le ratio “**p_Lym/p_N_Gr**” pour l’individu j du groupe k et $\epsilon_{kj}^i \sim \mathcal{N}(0, \sigma^2)$ le résidu.

La deuxième méthode est basée sur l’application de tests de Wilcoxon appariés sur chaque gène. Cette analyse a été appliqué avec seulement 112 observations, ce qui correspond aux 28 cochons ayant des données pour tous les pas de temps. Cette méthode est un test non paramétrique. Par conséquent, elle a l’avantage de ne pas reposer sur des conditions telles que la normalité. Cependant, on ne peut pas inclure des informations tels que le ratio “**p_Lym/p_N_Gr**” pour tenir compte des différents types de cellules.

La troisième méthode consiste à réaliser une normalisation quantile par pas de temps sur les données d’expression génique avant de réaliser de nouveau la première méthode. Cette méthode a été testée parce que les résultats des deux premières analyses fournissent un nombre important de gènes différentiels, ainsi qu’une importante sous-expression des gènes durant l’expérience. Ces résultats ont paru surprenant d’un point de vue biologique et ont soulevé la question de la présence d’un éventuel biais technique sur les pas de temps.

Pour chaque méthode, une correction des p-valeurs par la méthode de Bonferroni et un seuil de 1% sont appliqués.

Une fois les gènes sélectionnés, une Classification Ascendante Hiérarchique (CAH) par l’application du critère de regroupement de Ward est appliquée sur ces gènes afin de vérifier si la sélection permet une bonne classification des observations par pas de temps. Ensuite, des heatmaps sont réalisées afin d’observer l’évolution des gènes selon les pas de temps. Des tests d’enrichissement sont également effectués sur l’ensemble des gènes différentiels pour un certain pas de temps afin de connaître les fonctions biologiques sur-représentées dans les gènes dont l’expression est modifiée, à chaque pas de temps. Dans ce cas là, on teste individuellement chaque GO. Vu les effectifs importants des groupes de gènes différentiels à chaque pas de temps, une classification non supervisée de ceux-ci a également été effectuée : les gènes ont été partitionnés en groupes (ou clusters) à l’aide d’une CAH suivie d’une méthode de k -means initialisée sur les

¹Nous avons utilisé en fait 3 modèles pour tester séparément la significativité de l’évolution de l’expression par rapport à $t = 0$ aux différents pas de temps $t \in \{+1, +4, +24\}$.

résultats de la CAH afin de pouvoir effectuer de nouveau des tests d'enrichissement et associer chaque type d'évolution à des fonctions biologiques. Les classifications ont été effectuées sur les composantes intra-sujets pour mettre en valeur la dynamique temporelle d'expression. Ensuite, une analyse d'enrichissement fonctionnel a été réalisée avec l'approche *elim* sur chacun des groupes obtenus par la classification.

La sélection retenue après avoir analysé les résultats des différentes analyses est celle obtenue avec les tests de Wilcoxon dont nous allons présenter les résultats. Ceux obtenus avec les autres méthodes sont également résumés jusqu'aux heatmaps.

9.2. Sélection des gènes différentiels avec des tests de Wilcoxon appariés

À l'aide de cette méthode, 19301 gènes ont été retenus sur les 27837 initiaux, soit environ 69% des gènes. Ils ont été représentés à l'aide d'un diagramme de Venn (figure 9.1).

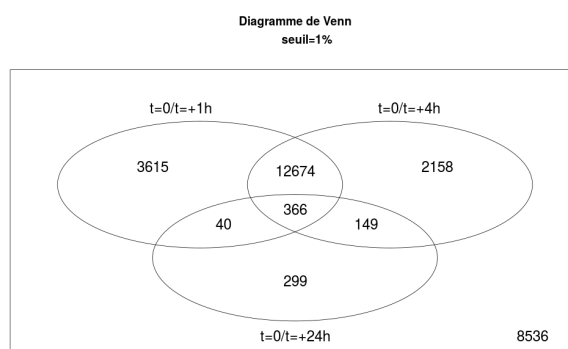


FIGURE 9.1. – Diagramme de Venn sur les gènes conservés à l'aide de tests de Wilcoxon appariés

La première constatation est que le nombre de gènes retenus est extrêmement important. En particulier, 12674 gènes sont différentiels entre $t = 0$ et $t = +1/ +4h$, ce qui correspond aux pas de temps où l'organisme est fortement impacté par l'expérience de stress. On constate également que les effectifs les plus importants suivants correspondent aux gènes différentiels uniquement entre $t = 0$ et $t = +1h$ avec 3615 gènes et ceux différentiels uniquement entre $t = 0$ et $t = +4h$ avec 2158 gènes. Ainsi, les gènes retenus sont majoritairement ceux ayant des évolutions significatives uniquement au coeur de l'expérience de stress. Par conséquent, ces gènes devraient permettre de mieux analyser l'évolution de l'impact de l'injection de LPS sur l'organisme des cochons.

Une CAH sur les gènes conservés (figure 9.2) montre que les gènes conservés permettent une séparation quasiment parfaite entre les pas de temps $t = 0/ +24h$, qui représentent des états d'équilibre physiologique pour les biologistes, et $t = +1/ +4h$, qui sont caractérisés par les effets de l'injection du LPS. Seul l'individu 3347 au pas de temps $t = +24h$, déjà considéré comme atypique lors de l'ACP sur les gènes normalisés, trouble cette séparation. On constate également que les pas de temps $t = +1h$ et $t = +4h$ sont également séparés dès que l'on ne conserve que trois groupes. Si on descend à quatre groupes, on constate que la majorité des pas de temps $t = +24h$ sont regroupés dans le même groupe. Les autres observations de ce pas de temps sont éparpillées parmi les observations du pas de temps $t = 0$. Ainsi, on obtient une classification globalement satisfaisante. De plus, une ACP sur ces gènes (figure 9.3) montre qu'en conservant uniquement ces gènes, on obtient 85,07% d'inertie expliquée dont 81,43% seulement avec la première composante. De plus, on obtient une représentation avec une séparation quasiment parfaite entre les pas de temps $t = +1h$, $t = +4h$ et $t = 0/ +24h$.

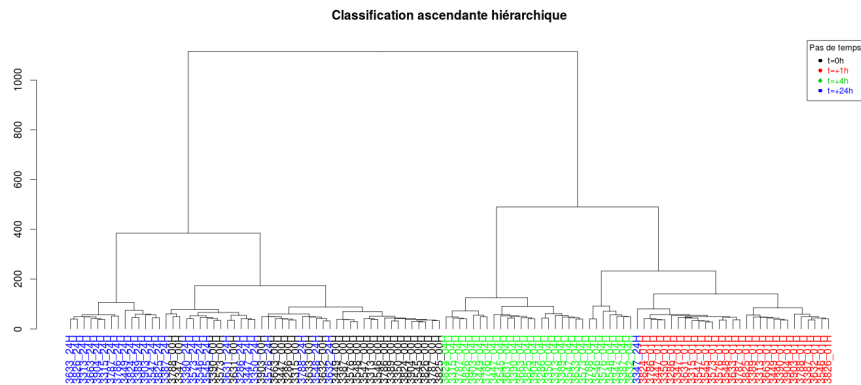


FIGURE 9.2. – CAH sur les gènes conservés à l'aide de tests de Wilcoxon appariés

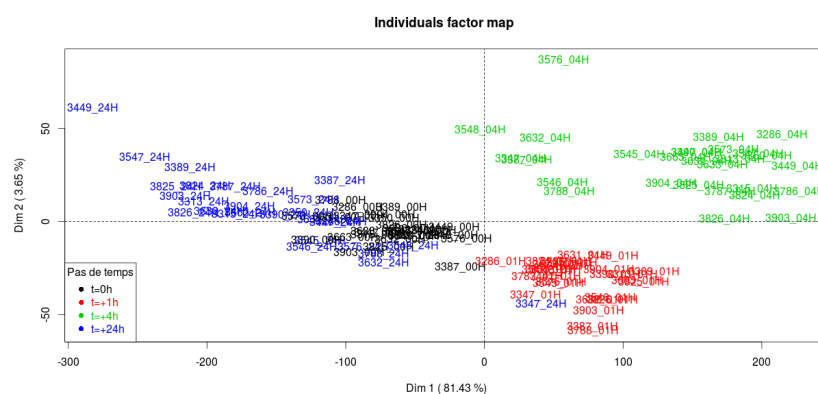


FIGURE 9.3. – ACP sur les gènes conservés à l'aide de tests de Wilcoxon appariés

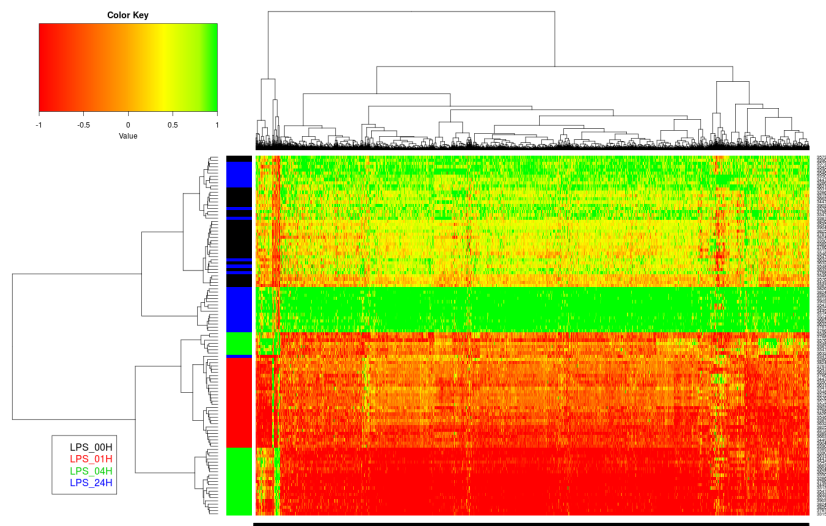


FIGURE 9.4. – Heatmap sur l'ensemble des gènes conservés à l'aide des tests de Wilcoxon (19301 gènes)

Ensuite, nous avons réalisé des heatmaps sur les gènes afin de pouvoir les classer mais aussi pour pouvoir visualiser l'évolution de leurs expressions par pas de temps (figure 9.4)

Ce graphe montre une séparation quasiment parfaite entre les pas de temps $t = 0/ + 24h$ et $t = +1/ + 4h$, à l'exception de l'individu atypique 3347 au pas de temps $t = +24h$. De plus,

toutes les observations du pas de temps $t = +1h$ sont regroupées. Concernant les gènes, la forte sur-expression à $t = 0$ et $t = +24h$ est facilement visible. Seul le groupe de gènes situé à gauche de l'arbre est majoritairement sous-exprimé à ces pas de temps. La sur-expression de $t = +24h$ par rapport à $t = 0$ est également visible grâce au plus important regroupement d'observations de $t = +24h$.

Pour le pas de temps $t = +1h$, seul un petit groupe de gènes est sur-exprimé, tandis que pour le pas de temps $t = +4h$, ce petit groupe devient sous-exprimé, tandis qu'un autre avec un effectif un peu plus important devient sur-exprimé. La séparation des observations du pas de temps $t = +4h$ est due à deux petits groupes de gènes qui sont sous-exprimés pour le groupe le plus important.

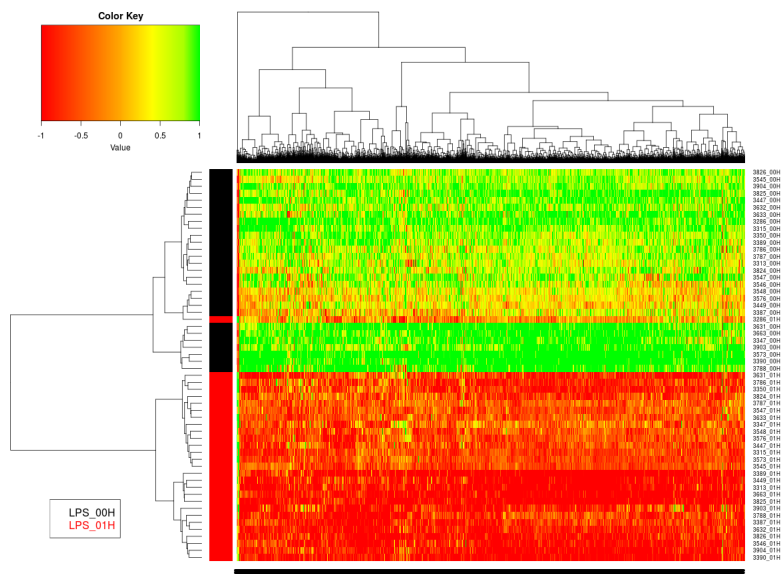


FIGURE 9.5. – Heatmap sur les gènes différentiels entre $t = 0$ et $t = +1h$ selon les tests de Wilcoxon (16995 gènes)

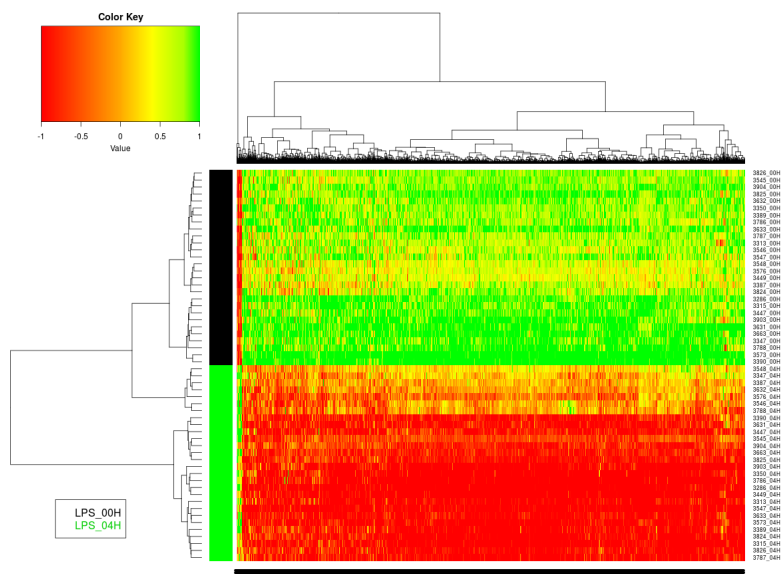


FIGURE 9.6. – Heatmap sur les gènes différentiels entre $t = 0$ et $t = +4h$ selon les tests de Wilcoxon (15347 gènes)

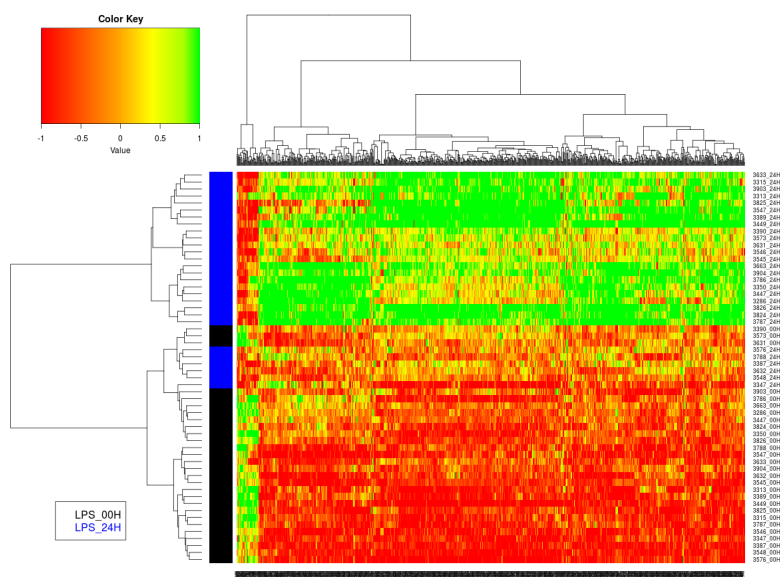


FIGURE 9.7. – Heatmap sur les gènes différentiels entre $t = 0$ et $t = +24h$ selon les tests de Wilcoxon (854 gènes)

Suite à ces observations, des heatmaps ont été réalisées entre $t = 0$ et $t = +1/ +4/ +24h$ afin de mieux visualiser l'effet par pas de temps. Tout d'abord, pour $t = 0/t = +1h$ et $t = 0/t = +4h$ (figure H.2 et H.3), on constate une séparation quasiment parfaite entre les différents pas de temps. De plus, on retrouve de nouveau la sur-expression pour les données à $t = 0$. Enfin, sur les deux heatmaps, il existe un petit groupe de gènes, isolé dès le premier nœud des CAH, qui est sur-exprimé à $t = +1h$ ou $t = +4h$. Cependant, ces deux groupes ne sont pas identiques si l'on se base sur la première heatmap (figure 9.4).

La heatmap pour les gènes différentiels entre $t = 0$ et $t = +24h$ montre une séparation de nouveau quasiment parfaite de ces deux pas de temps. Comme sur la heatmap sur l'ensemble des observations, on observe pour la grande majorité des gènes une sur-expression à $t = +24h$ par rapport à $t = 0$. On constate également la présence d'un petit groupe de gènes qui est majoritairement sous-exprimé à $t = +24h$. L'hypothèse que l'on peut énoncer, si on relie ces résultats aux différents boxplots de la section 7.1, serait que ces gènes seraient sur-exprimés à $t = +24h$ afin de revenir à un niveau basal.

Ensuite, des tests d'enrichissements ont été réalisés. Les résultats de ces méthodes sont récapitulés dans les annexes D, E, F et G.

ajouter un mot sur la classification + analyse d'enrichissement ; donner en particulier le nombre de clusters retenus par pas de temps

9.3. Résumé des résultats avec les deux autres méthodes de sélection

9.3.1. Première méthode : ANCOVA sans normalisation par pas de temps

Avec cette méthode de sélection, 21124 gènes différentiels ont été retenus, soit 77% des gènes. Ils ont été représentés à l'aide d'un diagramme de Venn (figure 9.8). Au final, 18208 gènes sont différentiels entre $t = 0$ et $t = +1h$, 19520 entre $t = 0$ et $t = +4h$ et 3998 entre $t = 0$ et $t = +24h$. Ces résultats sont comparés à ceux obtenus avec la méthode précédente dans le tableau 9.1.

Cette méthode désigne plus de gènes comme étant significatifs que précédemment, alors que notre objectif est de retenir un nombre minimum de gènes significatifs. En particulier, 13384

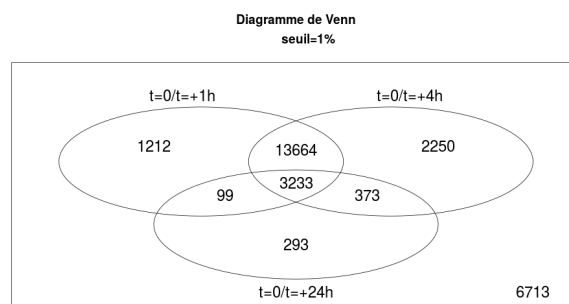


FIGURE 9.8. – Diagramme de Venn des gènes différentiels par l'ANCOVA sans normalisation par pas de temps

Gènes différentiels	Total	$t = 0/t = +1h$	$t = 0/t = +4h$	$t = 0/t = +24h$
Nombre de gènes conservés avec ANCOVA	21124	18208	19520	3998
Nombre de gènes conservés avec Wilcoxon	19301	16995	15347	854
Nombre de gènes en commun	18907	16051	15164	637

TABLE 9.1. – Tableau comparatif des gènes conservés par l'ANCOVA sans normalisation par pas de temps et par les tests de Wilcoxon appariés

gènes sont différentiels entre $t = 0$ et $t = +1/+4h$, ce qui correspond aux pas de temps où l'organisme est fortement impacté par l'expérience de stress et 3320 gènes sont différentiels pour tous les pas de temps.

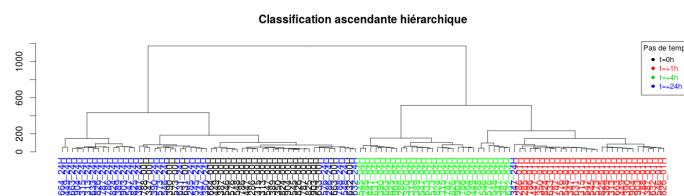


FIGURE 9.9. – CAH sur les gènes différentiels par l'ANCOVA sans normalisation par pas de temps

Une CAH par rapport aux observations (figure 9.9) montre un résultat similaire que pour les gènes sélectionnés à l'aide des tests de Wilcoxon. Concernant les heatmaps (voir annexe H), vu que la liste de gènes conservés est fortement similaire à celle de la première sélection, on observe des résultats très ressemblant aux précédents.

Cette méthode n'a pas été retenue face aux tests de Wilcoxon à cause de ces résultats similaires à ceux de la première méthode mais avec un nombre de gènes plus élevés. Or, l'objectif de cette sélection est de conserver un minimum de gènes différentiels.

9.3.2. Deuxième méthode : ANCOVA avec normalisation par pas de temps

Avec cette normalisation, on obtient alors 8097 gènes différentiels, avec 4194 gènes retenus entre $t = 0$ et $t = +1h$, 7053 entre $t = 0$ et $t = +4h$ et 1569 entre $t = 0$ et $t = +24h$. Ils ont été représentés à l'aide d'un diagramme de Venn (figure 9.10).

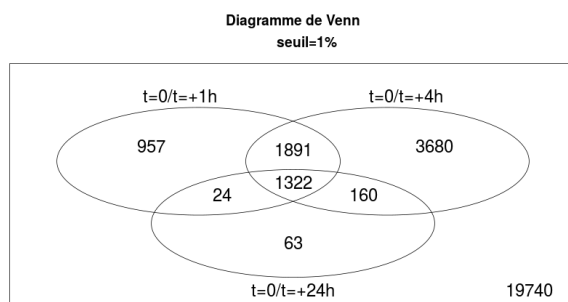


FIGURE 9.10. – Diagramme de Venn des gènes différentiels après une normalisation par pas de temps

Gènes différentiels	Total	$t = 0/t = +1h$	$t = 0/t = +4h$	$t = 0/t = +24h$
Nombre de gènes conservés avec ANCOVA avec normalisation par pas de temps	8097	4194	7053	1569
Nombre de gènes conservés avec Wilcoxon	19301	16995	15347	854
Nombre de gènes en commun	3781	1485	2345	50

TABLE 9.2. – Tableau comparatif des gènes conservés par l’ANCOVA avant et après la normalisation par pas de temps

Le tableau 9.2 montre que l’intersection entre les gènes conservés avec les tests de Wilcoxon et avec l’ANCOVA après la normalisation par pas de temps contient moins de 50% des gènes conservés avec l’ANCOVA. On peut alors se demander si la normalisation n’a pas faussé la sélection de gènes.

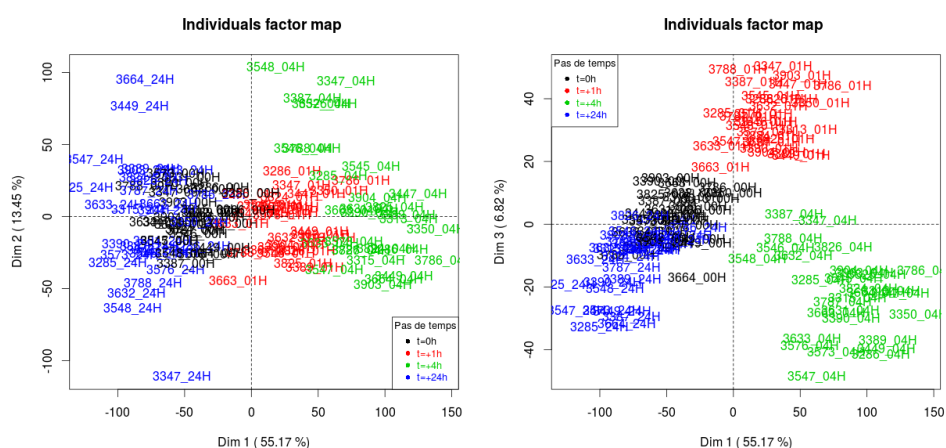


FIGURE 9.11. – CAH sur les gènes différentiels après une normalisation par pas de temps

Dans un premier temps, une ACP a été réalisée afin de voir si les gènes conservés permettent une bonne séparation entre les différents pas de temps (figure 9.11). En retenant trois composantes, on conserve 75,44% d’inertie expliquée, soit une représentation similaire à celle obtenue avec une ACP sur l’ensemble des gènes (figure 8.9). Cependant la première composante corres-

pond à seulement 55,17% d'inertie expliquée alors que, pour l'ACP sur l'ensemble des gènes, elle expliquait 66,94% d'inertie. De plus, la deuxième composante, qui ne permet aucune séparation entre les différents pas de temps, explique maintenant 13,45% d'inertie contre 6,99% avant cette nouvelle normalisation et sélection. Autrement dit, cette sélection de gènes n'a pas permis une meilleure représentation selon les pas de temps contrairement à la sélection avec les tests de Wilcoxon. Cette constatation renforce l'idée que les gènes conservés avec cette normalisation ne sont pas ceux formant le plus petit ensemble de gènes permettant la meilleure discrimination entre les différents pas de temps.

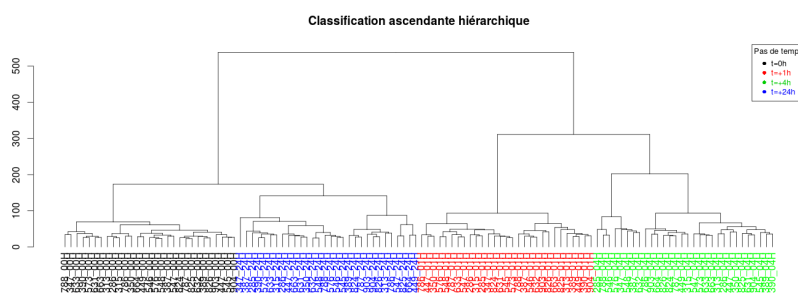


FIGURE 9.12. – CAH sur les gènes différentiels après une normalisation par pas de temps

Cependant, une CAH sur les gènes conservés (figure 9.12) montre une séparation impeccable entre les différents pas de temps.

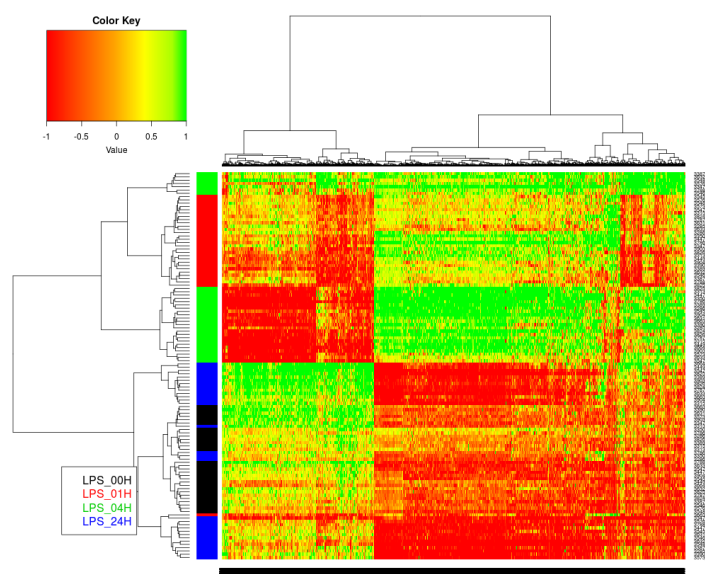


FIGURE 9.13. – Heatmap sur les gènes différentiels après une normalisation par pas de temps (8097 gènes)

Des heatmaps sur les gènes conservés ont été réalisées afin de visualiser l'évolution de leurs expressions par pas de temps (figure 9.13). La première constatation est que la répartition des observations est assez ressemblante à celle de la première heatmap (voir figure 9.4). Cependant, alors que l'on constatait une forte sous-expression lors de la première analyse à $t = +1h$ et $t = +4h$, on observe maintenant une majorité de gènes sur-exprimés à ces pas de temps. On retrouve cette même constatation sur les heatmaps entre $t = 0$ et $t = +1/ +4/ +24h$ (annexe I). On remarque également que la grande majorité des gènes est sous-exprimée à $t = +24h$.

Au final, nos observations sont à l'opposé de celles des deux autres méthodes de sélection. Par ailleurs, le protocole expérimental ne permet pas d'expliquer clairement un biais technique qui

serait dû au pas de temps (les différents pas de temps ayant été répartis aléatoirement sur les diverses positions d'une même biopuce pour un animal donné). Par conséquent, il a été décidé de ne pas retenir les résultats de cette analyse.

10. Analyse sur les données d'expression génique et de biologie clinique simultanément

La dernière étape de cette étude consiste à réaliser une analyse regroupant les données sur les gènes identifiées comme différentiels et de les données de biologie clinique. Pour cela une Analyse Factorielle Multiple (AFM) a été appliquée. Cette méthode permet également de mettre le jeu de données comportant les conditions expérimentales en jeu de donnée supplémentaire.

Dans un premier temps, une analyse a été appliquée sur les jeux de données sans modification. Dans un deuxième temps, vu que l'on avait constaté que l'ACP multi-niveaux sur les données de biologie clinique (voir section 7.3) donnait une représentation plus intéressante qu'une ACP basique et qu'une AFM est basée sur les ACP de chaque jeu de données étudié, nous avons utilisé les composantes intra-sujets de la matrices contenant l'expression des gènes différentiels et de celle contenant les données phénotypiques.

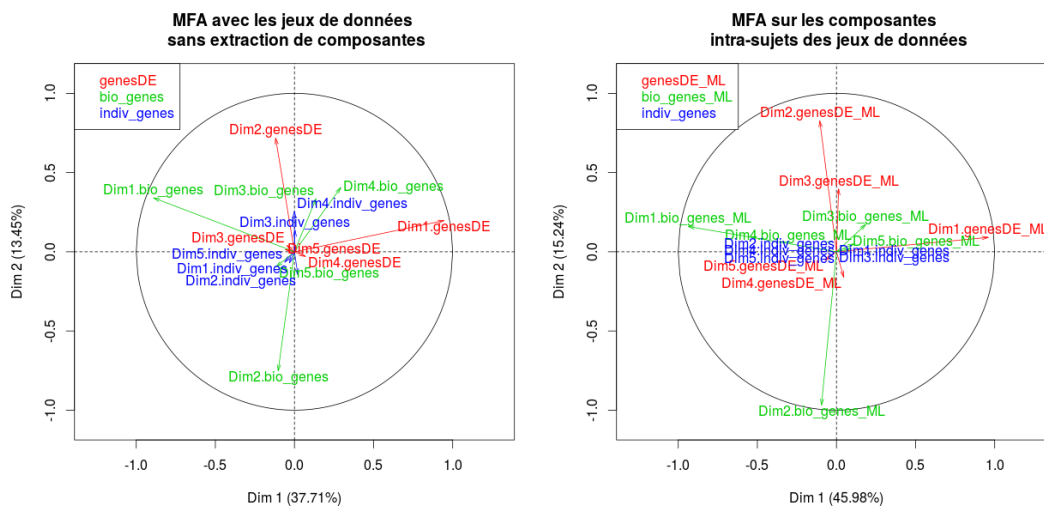


FIGURE 10.1. – Représentations des axes des trois jeux de données utilisés pour la AFM

Dans un premier temps, les représentations des composantes de chaque jeu de données ont été étudiées (figure 10.1). On constate une opposition des composantes 1 pour les données d'expression génique et pour les données de biologie clinique, de même pour les composantes 2. Pour les composantes associées aux données indiquant les conditions d'expériences, on constate que, dans les deux cas, elles ne sont pas bien représentées sur les composantes 1 et 2 de l'AFM. Cependant, elles semblent toujours contenir un léger biais par rapport à la variable "Animal" vu que, lorsque l'on extrait uniquement les composantes intra-sujets, les cinq premières composantes associées sont égal à 0, ce qui n'est pas le cas sans extraction. De plus, le pourcentage d'inertie expliquée passe de 51,16% à 61,22% en travaillant uniquement avec les composantes intra-sujets.

La figure 10.2 permet de mettre en avant, grâce à l'association des données d'expression génique et phénotypiques, que les données sont toujours légèrement affectées par des biais, en particulier liés à l'animal. Cependant, en travaillant sur les composantes intra-sujets, on constate

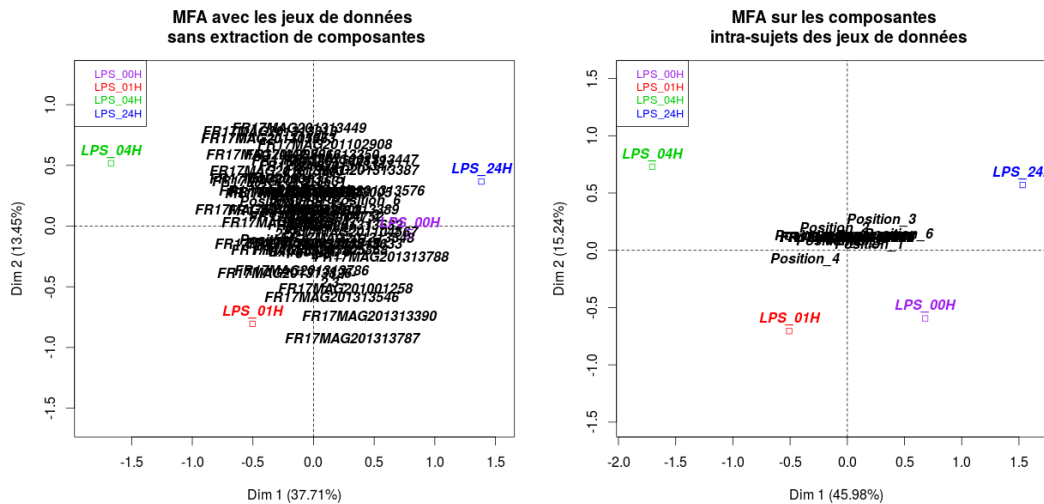


FIGURE 10.2. – Représentations des variables qualitatives supplémentaires de la AFM sur les trois jeux de données

aucun biais faussant les données. Ainsi, si on regarde les représentations des observations selon leurs pas de temps (figure 10.3), on constate que, si la première AFM montre des regroupements assez satisfaisants, celle sur les composantes intra-sujets sont plus nettes. De plus, la dernière AFM permet de séparer le pas de temps $t = 0$ du pas de temps $t = +24h$ en plus de l'habituelle séparation avec les autres pas de temps.

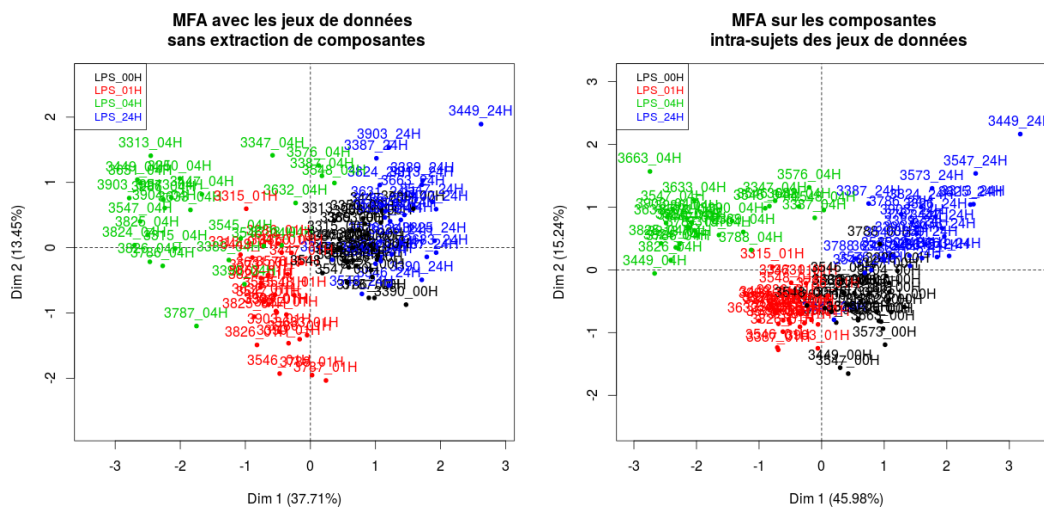


FIGURE 10.3. – Représentations des individus de la AFM sur les trois jeux de données

Ainsi, une AFM sur les composantes intra-sujets des données de biologie clinique et d'expression génique permet une séparation satisfaisante entre les 4 pas de temps avec seulement deux composantes (figure 10.3). Par conséquent, la représentation des variables va permettre de caractériser chaque pas de temps (figure 10.4).

De nouveau, on constate la surexpression des gènes à $t = 0$ et $t = +24h$. Cette observation semble être liée à la concentration de globules blancs dans le sang. De plus, on constate une opposition très nette entre les variables “**Cortisol**” et “**GB**” sur la première composante. Ainsi la période de stress ($t = +1/+4h$) est caractérisé par une sous-expression massive de gènes, un fort taux de cortisol et un faible taux de globules blancs. La deuxième composante oppose de nouveau la proportion de lymphocytes et de granulocytes.

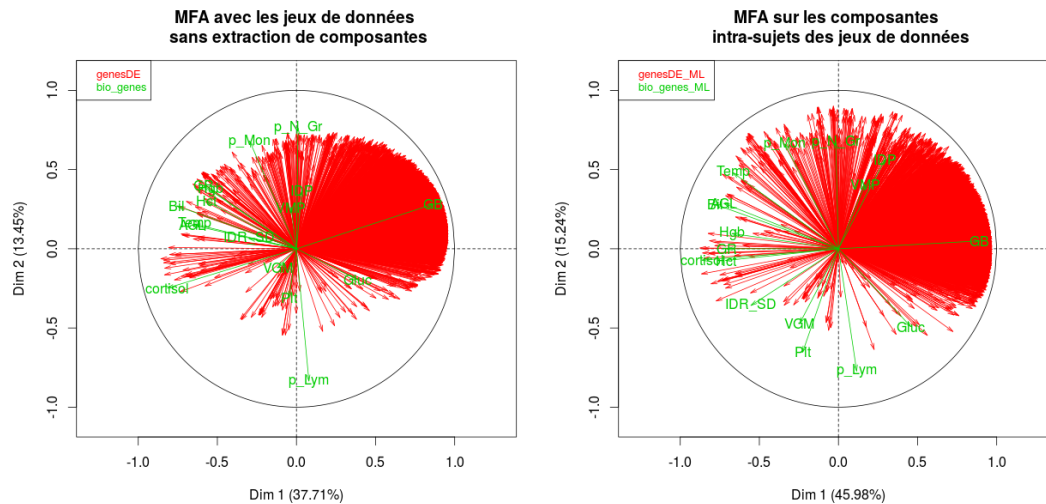


FIGURE 10.4. – Représentations des variables de la AFM sur les trois jeux de données

Ainsi, le pas de temps $t = +1h$ semble être caractérisée par une forte proportion de lymphocytes et une forte concentration de plaquettes sanguines. Le pas de temps $t = 0$ est caractérisé par sa concentration en glucose. Pour le pas de temps identifiés précédemment comme celui correspondant au pic de réaction de la majorité des cochons, on retrouve de nouveau beaucoup de variables biologiques bien représentées. En effet, le pas de temps $t = +4h$ semble être lié aux variables “Cortisol”, “AGL”, “Bil”, “Temp” et “p_Mon”.

Conclusion

Ce travail a permis d'aboutir aux conclusions suivantes : la première constatation importante est que l'injection de LPS a causé une forte sous-expression d'un nombre important de gènes aux pas de temps $t = +1h$ et $t = +4h$ et qu'elle a eu un impact sur l'ensemble des variables phénotypiques pour lesquelles nous disposons de données. La réaction semble atteindre son pic pour la majorité des cochons aux environs de 4h, cependant certains cochons semblent l'atteindre plutôt aux environs de 1h. Cette nuance montre les différences de réactions face à un stress selon le cochon étudié. Les conclusions de cette étude seront reprises par les biologistes qui les analyseront plus précisément pour en tirer des conclusions biologiques sur le fonctionnement du système du cochon qui subit une inflammation généralisée. Des conclusions pourront alors être déduites sur l'impact de l'axe corticotrope sur la robustesse des cochons d'élevage.

D'un point de vue personnel, ce stage m'aura beaucoup apporté. Il m'a permis de mettre en pratique mes connaissances mais également de découvrir de nouvelles méthodes mathématiques tels que les différentes normalisations ou les méthodes multi-niveaux. J'ai également acquis des notions de biologie et découvert le domaine particulier de la biostatistique. Échanger avec des personnes ayant une formation en biologie uniquement m'a permis d'apprendre à adapter mon discours à mon public et à mettre en commun nos connaissances pour une meilleure analyse des résultats. Ce stage m'a également permis de développer mon autonomie et mes compétences techniques, me préparant ainsi à la vie professionnelle.

Après ce stage, je commencerai en emploi en CDD pour une durée de 4 à 7 mois en tant que chargée d'études statistiques à l'École Nationale Supérieure de la Sécurité Sociale (EN3S).

Quatrième partie .

Annexes

A. Résumé variables biologiques

Variable	Description
GB	Concentration des globules blancs (T/L)
p_Lym	Proportion de lymphocytes parmi les globules blancs
p_Mon	Proportion de monocytes parmi les globules blancs
p_N_Gr	Proportion de neutrophiles granulocytes parmi les globules blancs
Gr	Concentration des globules rouges (T/L)
VGM	Volume globulaire moyen (fL)
Hct	Hématocrite : pourcentage relatif du volume des globules rouges circulant dans le sang par rapport au volume total du sang.
Hgb	Concentration d'hémoglobine (g/dL)
IDR-SD	Indice de distribution des globules rouges. Plus l'indice est faible, plus les globules rouges ont des volumes homogènes entre eux
Plt	Concentration des plaquettes (T/L)
VMP	Volume plaquettaire moyen (fL)
IDP	Indice de distribution des plaquettes. Plus l'indice est faible, plus les plaquettes ont des volumes homogènes entre eux
cortisol	Concentration du cortisol (ng/mL)
Gluc	Concentration du glucose (mmol/L)
AGL	Concentration des acides gras libres (mmol/mL)
Bil	Concentration de la bilirubine ($\mu\text{mol/mL}$) : pigment jaune produit par la destruction des globules rouges
Temp	Température du cochon (degré Celsius)

B. Gènes ayant une corrélation supérieure à 99% avec la première composante pour l'ACP multi-niveaux

Gène	Comp1	Comp2	Comp3	Gène	Comp1	Comp2	Comp3
X94	-0.99	-0.056	0.014	X16459	-0.992	-0.015	-0.006
X2309	-0.99	-0.034	0.053	X16562	-0.991	-0.021	0.052
X2780	-0.99	-0.045	-0.039	X16650	-0.991	0.016	0.063
X3644	-0.991	0	-0.016	X16867	-0.991	-0.014	-0.031
X3798	-0.99	-0.02	0.023	X17108	-0.992	-0.05	0.009
X4476	-0.99	-0.018	0.062	X18429	-0.991	-0.018	0.051
X5506	-0.991	-0.027	0.011	X18636	-0.991	-0.034	-0.002
X5671	-0.991	-0.031	0.071	X18823	-0.99	-0.027	0.03
X5912	-0.991	-0.05	-0.007	X18858	-0.99	-0.035	0.026
X5967	-0.99	-0.006	0.064	X19214	-0.991	0.009	0.01
X6827	-0.991	-0.009	0.036	X19407	-0.991	0.048	0.034
X6932	-0.993	-0.025	0.002	X19532	-0.992	-0.029	0.007
X6962	-0.99	-0.028	0.036	X20036	-0.99	-0.004	-0.03
X8161	-0.99	-0.072	0.069	X20120	-0.991	-0.069	0.057
X9544	-0.992	-0.028	0.004	X20722	-0.991	-0.059	-0.003
X10627	-0.992	-0.017	-0.001	X20759	-0.991	-0.017	0.042
X11119	-0.99	-0.001	-0.018	X20879	-0.992	-0.045	0.022
X11166	-0.992	-0.004	0.047	X21995	-0.991	-0.038	0.069
X11422	-0.992	-0.021	0.004	X22454	-0.992	-0.011	0.006
X11498	-0.991	-0.059	0.014	X22742	-0.991	0.014	0.019
X11706	-0.993	-0.023	-0.018	X22842	-0.991	-0.023	0.043
X11783	-0.992	-0.041	0.058	X22927	-0.992	-0.013	-0.015
X12154	-0.992	-0.062	0.047	X23127	-0.991	-0.025	0.05
X12264	-0.991	-0.024	0.04	X23237	-0.99	-0.026	0.004
X12413	-0.99	-0.075	0.059	X23389	-0.991	-0.011	0.012
X12910	-0.99	0	-0.057	X24002	-0.991	-0.015	0.049
X13074	-0.992	-0.004	0.024	X24509	-0.991	-0.039	0.03
X13261	-0.993	-0.01	-0.002	X24610	-0.991	-0.03	0.039
X13317	-0.99	-0.034	0.02	X24696	-0.991	-0.023	-0.082
X13419	-0.991	-0.018	0.036	X24716	-0.991	-0.011	0.011
X13835	-0.991	-0.05	0.058	X24800	-0.992	-0.011	0.035
X14429	-0.99	0.009	0.051	X24981	-0.991	-0.007	0.005
X15709	-0.991	-0.019	0.057	X25414	-0.992	-0.035	-0.012
X16015	-0.992	-0.016	0.023	X25496	-0.99	-0.028	0.024
X16328	-0.991	-0.055	-0.012	X25504	-0.99	-0.003	0.061

Gène	Comp1	Comp2	Comp3	Gène	Comp1	Comp2	Comp3
X25930	-0.991	-0.014	0.052	X35697	-0.991	0.044	-0.066
X26175	-0.991	-0.02	-0.024	X35939	-0.99	0.023	0.001
X26298	-0.99	0.005	-0.003	X36074	-0.99	-0.023	-0.041
X26697	-0.991	-0.023	0.04	X36229	-0.991	-0.007	0.053
X26709	-0.994	-0.004	0.012	X36231	-0.994	-0.018	0.003
X27132	-0.992	-0.054	0.042	X36335	-0.991	-0.048	0.057
X27191	-0.992	-0.044	0.027	X36747	-0.991	-0.013	0.044
X27288	-0.991	-0.061	0.02	X36791	-0.99	-0.011	-0.017
X27708	-0.99	-0.046	0.072	X36884	-0.991	-0.009	0.005
X27861	-0.991	-0.026	-0.039	X37419	-0.991	-0.021	-0.038
X27945	-0.99	-0.029	0.037	X37445	-0.991	-0.044	0.01
X28029	-0.991	-0.024	0.065	X37986	-0.99	-0.013	0.068
X28032	-0.991	0.012	0.038	X38021	-0.992	-0.029	0.008
X28085	-0.99	-0.053	0.033	X38302	-0.991	-0.003	0.037
X28145	-0.991	0.003	0.003	X38739	-0.99	-0.018	0.055
X28663	-0.991	-0.072	0.022	X38886	-0.991	-0.018	0.012
X28716	-0.99	0.011	0.067	X39041	-0.992	-0.035	0.057
X28801	-0.99	0.01	0.029	X39139	-0.99	-0.05	0.022
X28956	-0.991	-0.034	0.022	X39176	-0.992	-0.036	0
X29038	-0.993	-0.056	0.05	X39309	-0.99	0.001	0.004
X29234	-0.991	-0.024	0.034	X39575	-0.992	0.028	0.046
X29261	-0.994	-0.019	-0.004	X39811	-0.991	-0.048	0.043
X29802	-0.993	-0.006	0.004	X39966	-0.991	-0.025	0.075
X30729	-0.99	-0.02	0.052	X40079	-0.994	-0.012	-0.003
X30947	-0.994	-0.037	0.015	X40314	-0.992	-0.021	0.043
X31026	-0.99	0.014	0.014	X40521	-0.991	-0.021	0.012
X31592	-0.993	-0.006	-0.017	X40958	-0.991	-0.003	-0.005
X31910	-0.991	-0.039	0.038	X40961	-0.99	-0.013	0.082
X32562	-0.991	-0.01	-0.024	X40973	-0.991	-0.019	0.062
X32620	-0.991	-0.017	0	X41064	-0.991	-0.033	0.026
X32673	-0.992	-0.006	0.009	X41325	-0.991	0.023	0.007
X32965	-0.993	-0.03	0.008	X41400	-0.99	-0.031	0.07
X33055	-0.992	-0.025	0.002	X41534	-0.994	-0.025	-0.031
X33225	-0.991	-0.051	0.081	X41569	-0.991	-0.036	0.087
X33590	-0.991	-0.026	0.012	X41615	-0.99	0.004	-0.022
X34084	-0.991	-0.046	0.015	X42203	-0.991	-0.028	0.022
X34517	-0.992	-0.064	0.013	X42271	-0.99	-0.031	-0.002
X34681	-0.991	-0.026	-0.012	X42659	-0.99	0.016	0.044
X34736	-0.991	-0.057	0.061	X42879	-0.992	-0.023	0.05
X35201	-0.991	-0.045	0.058	X43151	-0.992	-0.014	0.018

Gène	Comp1	Comp2	Comp3	Gène	Comp1	Comp2	Comp3
X43156	-0.99	-0.036	0.072	X51120	-0.99	-0.022	0.065
X43226	-0.991	-0.046	0.044	X51180	-0.991	-0.022	0.012
X43571	-0.993	0.012	0.009	X51259	-0.99	-0.005	0.073
X43733	-0.99	-0.027	0.013	X51863	-0.991	-0.037	0.042
X43974	-0.991	-0.005	-0.053	X52040	-0.993	-0.037	0.023
X44515	-0.991	-0.031	0.021	X52274	-0.99	0.024	0.019
X44969	-0.991	-0.054	0.023	X52720	-0.992	-0.031	0.044
X44988	-0.99	0.005	-0.016	X52765	-0.99	-0.005	0.009
X45227	-0.992	-0.02	-0.019	X52999	-0.991	-0.021	0.029
X45321	-0.992	-0.063	0.035	X53316	-0.991	-0.014	0.019
X45575	-0.994	-0.03	0.009	X53397	-0.99	-0.045	0.076
X46291	-0.99	-0.01	-0.022	X53565	-0.993	-0.004	-0.002
X46681	-0.99	-0.063	0.036	X53785	-0.99	-0.017	0.066
X46765	-0.99	-0.023	0.02	X53801	-0.99	0.016	0.042
X46865	-0.992	-0.066	0.036	X54559	-0.99	-0.023	0.016
X47247	-0.992	-0.025	0.065	X54837	-0.993	-0.021	0.046
X47266	-0.991	-0.055	0.016	X54844	-0.991	-0.026	0.066
X47626	-0.99	-0.043	0.032	X55607	-0.992	-0.039	0.056
X48206	-0.991	-0.078	0.053	X55716	-0.991	-0.003	-0.023
X48880	-0.991	-0.041	0.016	X56433	-0.991	-0.029	0.047
X48978	-0.99	-0.044	0.023	X56815	-0.991	-0.04	-0.011
X49117	-0.991	-0.015	0.064	X57998	-0.991	-0.017	-0.012
X50048	-0.991	-0.022	0.023	X58277	-0.99	-0.009	0.022
X50299	-0.991	-0.034	0.006	X58436	-0.995	-0.011	-0.006
X50742	-0.992	-0.03	0.002	X58799	-0.991	-0.056	-0.001
X50936	-0.993	-0.035	0.003	X58945	-0.99	-0.011	0.001
X51087	-0.992	-0.001	-0.024	X59510	-0.99	-0.041	0.06

C. Gènes ayant une corrélation supérieure à 80% avec la troisième composante pour l'ACP multi-niveaux

Gène	Comp1	Comp2	Comp3	Gène	Comp1	Comp2	Comp3
X2012	0.002	0.212	-0.833	X21621	-0.023	0.066	-0.838
X2130	0.442	0.182	-0.836	X21671	-0.384	0.124	-0.818
X2207	-0.511	0.083	-0.809	X21806	0.336	0.233	-0.855
X2236	-0.278	0.234	-0.82	X21983	-0.166	0.197	-0.844
X2347	-0.067	0.306	-0.834	X22103	-0.209	0.113	-0.914
X2680	0.354	0.223	-0.817	X22889	-0.267	0.213	-0.887
X2921	0.045	0.244	-0.86	X22895	-0.177	0.255	-0.859
X3293	-0.52	0.088	-0.804	X22988	-0.264	0.234	-0.817
X3793	-0.125	0.142	-0.924	X23083	-0.142	0.246	-0.874
X4534	-0.325	0.161	-0.867	X23728	-0.132	0.155	-0.854
X5767	-0.132	0.246	-0.857	X23830	-0.191	0.156	-0.829
X5806	-0.387	0.179	-0.845	X23859	-0.429	0.13	-0.854
X6087	-0.137	0.265	-0.86	X24045	-0.267	0.24	-0.815
X8322	-0.046	0.195	-0.934	X24341	-0.128	0.186	-0.837
X8913	-0.375	0.246	-0.803	X24834	-0.02	0.066	-0.838
X9035	-0.274	0.231	-0.817	X25654	-0.523	0.09	-0.801
X10345	-0.233	0.24	-0.819	X26507	-0.314	0.244	-0.846
X10594	-0.08	0.236	-0.88	X27819	-0.144	0.19	-0.927
X10799	-0.434	0.137	-0.846	X28817	-0.161	0.264	-0.828
X10952	-0.141	0.182	-0.89	X29349	0.017	0.308	-0.82
X11184	-0.356	0.229	-0.809	X30047	-0.143	0.198	-0.926
X11283	-0.197	0.119	-0.801	X30709	0.447	0.195	-0.834
X12135	-0.023	0.276	-0.862	X30718	0.017	0.311	-0.824
X12634	-0.137	0.237	-0.864	X30882	-0.233	0.12	-0.837
X13406	-0.048	0.222	-0.872	X31627	-0.114	0.16	-0.897
X13825	-0.147	0.168	-0.828	X31778	0.02	0.223	-0.883
X15083	0.027	0.187	-0.942	X33948	-0.059	0.279	-0.847
X16223	-0.416	0.157	-0.839	X34645	-0.258	0.239	-0.886
X16261	-0.2	0.243	-0.853	X35058	-0.127	0.172	-0.819
X17870	-0.115	0.106	-0.873	X35131	0.437	0.188	-0.835
X20104	0.457	0.214	-0.821	X36648	-0.22	0.124	-0.904
X20452	-0.096	0.146	-0.934	X37442	-0.276	0.095	-0.85
X21180	0.023	0.216	-0.838	X37583	0.442	0.182	-0.834
X21198	-0.34	0.242	-0.81	X38639	-0.364	0.189	-0.808
X21592	-0.415	0.154	-0.834	X38756	-0.093	0.199	-0.891

Gène	Comp1	Comp2	Comp3	Gène	Comp1	Comp2	Comp3
X39248	-0.355	0.256	-0.812	X51308	-0.397	0.181	-0.836
X39345	-0.247	0.158	-0.847	X51591	-0.33	0.263	-0.815
X39661	-0.348	0.176	-0.817	X51839	-0.034	0.208	-0.941
X40064	-0.046	0.244	-0.91	X52501	-0.33	0.225	-0.83
X41256	-0.107	0.153	-0.927	X52787	-0.187	0.167	-0.885
X41431	-0.383	0.135	-0.815	X53708	0.145	0.276	-0.809
X41567	-0.16	0.258	-0.806	X54232	-0.241	0.188	-0.882
X42455	-0.44	0.212	-0.815	X54401	-0.205	0.121	-0.909
X42471	-0.122	0.165	-0.928	X55058	-0.388	0.168	-0.845
X42816	-0.428	0.116	-0.872	X55282	-0.102	0.28	-0.831
X43426	-0.309	0.223	-0.808	X55484	-0.114	0.133	-0.85
X43732	-0.133	0.15	-0.84	X55684	-0.376	0.134	-0.816
X44367	-0.051	0.219	-0.803	X55909	-0.267	0.234	-0.821
X44435	-0.348	0.195	-0.811	X55995	0.175	0.228	-0.808
X44500	-0.119	0.148	-0.927	X56409	0.345	0.202	-0.863
X45194	-0.377	0.176	-0.817	X56598	-0.016	0.072	-0.836
X45309	-0.115	0.167	-0.929	X58542	-0.223	0.253	-0.861
X45889	-0.166	0.246	-0.861	X58858	-0.069	0.277	-0.813
X46540	-0.157	0.23	-0.81	X59661	0.456	0.198	-0.828
X46673	0.227	0.208	-0.916	X60157	0.455	0.202	-0.826
X48303	0.011	0.076	-0.813	X60574	-0.108	0.169	-0.922
X48739	-0.479	0.18	-0.803	X60727	-0.216	0.11	-0.8
X49249	-0.071	0.218	-0.862	X60933	-0.157	0.234	-0.847
X49358	-0.307	0.166	-0.883	X61176	-0.391	0.13	-0.81
X49640	-0.408	0.217	-0.823	X61298	-0.173	0.228	-0.87
X50198	-0.165	0.169	-0.923				

D. Résultats des tests d'enrichissement pour les gènes différentiels par les tests de Wilcoxon appariés au seuil 1%

Gènes différentiels entre $t = 0$ et $t = +1h$

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val	p-val adj
1	GO :0022613	ribonucleoprotein complex biogenesis	251	231	157.80	2.9e-08	0.00013
2	GO :0008380	RNA splicing	280	252	176.04	1.3e-06	0.0029
3	GO :0016071	mRNA metabolic process	471	412	296.12	2.2e-06	0.0029
4	GO :0006396	RNA processing	433	380	272.23	2.5e-06	0.0029

Gènes différentiels entre $t = 0$ et $t = +4h$

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val	p-val adj
1	GO :0022613	ribonucleoprotein complex biogenesis	251	227	143.51	5.3e-12	1.6e-08
2	GO :0016071	mRNA metabolic process	471	405	269.29	6.9e-12	1.6e-08
3	GO :0006396	RNA processing	433	369	247.57	7.2e-10	1.1e-06
4	GO :0008380	RNA splicing	280	246	160.09	1.1e-09	1.3e-06
5	GO :0006413	translational initiation	218	194	124.64	5.6e-09	5.1e-06
6	GO :0006402	mRNA catabolic process	170	154	97.20	1.1e-08	8.4e-06
7	GO :0000956	nuclear-transcribed mRNA catabolic process	162	147	92.62	1.7e-08	1.1e-05
8	GO :0006414	translational elongation	168	151	96.05	5.7e-08	3.1e-05
9	GO :0006397	mRNA processing	347	295	198.40	6.0e-08	3.1e-05
10	GO :0000375	RNA splicing, via transesterification reactions	202	178	115.49	1.3e-07	6e-05
11	GO :0000377	RNA splicing, via transesterification reactions with bulged adenosine as nucleophile	199	175	113.78	2.3e-07	8.8e-05
12	GO :0000398	mRNA splicing, via spliceosome	199	175	113.78	2.3e-07	8.8e-05
13	GO :0006401	RNA catabolic process	188	166	107.49	2.5e-07	8.8e-05
14	GO :0045333	cellular respiration	149	134	85.19	2.9e-07	9.5e-05
15	GO :0071826	ribonucleoprotein complex subunit organization	128	116	73.18	6.8e-07	0.00021
16	GO :0042254	ribosome biogenesis	150	134	85.76	7.6e-07	0.00022
17	GO :0006412	translation	440	364	251.57	9.4e-07	0.00025
18	GO :0022618	ribonucleoprotein complex assembly	124	112	70.90	1.6e-06	0.00041

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val	p-val adj
19	GO :0034660	ncRNA metabolic process	296	250	169.24	1.9e-06	0.00044
20	GO :0034470	ncRNA processing	203	176	116.06	1.9e-06	0.00044
21	GO :0034655	nucleobase-containing compound catabolic process	304	256	173.81	2.3e-06	5e-04
22	GO :0006415	translational termination	144	128	82.33	2.6e-06	0.00054
23	GO :0046700	heterocycle catabolic process	321	268	183.53	5.9e-06	0.0012
24	GO :0006364	rRNA processing	106	96	60.61	6.8e-06	0.0013
25	GO :0000184	nuclear-transcribed mRNA catabolic process, nonsense-mediated decay	104	94	59.46	1.1e-05	0.002
26	GO :0006353	DNA-templated transcription, termination	67	63	38.31	1.2e-05	0.0021
27	GO :0016072	rRNA metabolic process	108	97	61.75	1.5e-05	0.0026
28	GO :0031123	RNA 3'-end processing	102	92	58.32	1.6e-05	0.0026
29	GO :0044270	cellular nitrogen compound catabolic process	322	267	184.10	1.8e-05	0.0029
30	GO :0070972	protein localization to endoplasmic reticulum	118	105	67.47	1.9e-05	0.0029
31	GO :1901361	organic cyclic compound catabolic process	343	283	196.11	2.2e-05	0.0033
32	GO :0031124	mRNA 3'-end processing	88	80	50.31	2.9e-05	0.0042
33	GO :0019439	aromatic compound catabolic process	327	270	186.96	3.1e-05	0.0043
34	GO :0006614	SRP-dependent cotranslational protein targeting to membrane	98	88	56.03	3.9e-05	0.0053
35	GO :0019083	viral transcription	155	134	88.62	4.4e-05	0.0058
36	GO :0045047	protein targeting to ER	102	91	58.32	5.3e-05	0.0068
37	GO :0072599	establishment of protein localization to endoplasmic reticulum	106	94	60.61	7.1e-05	0.0088

Gènes différentiels entre $t = 0$ et $t = +24h$

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val	p-val adj
1	GO :0006613	cotranslational protein targeting to membrane	100	30	3.35	6.1e-11	2.5e-07
2	GO :0045047	protein targeting to ER	102	30	3.42	1.1e-10	2.5e-07
3	GO :0006614	SRP-dependent cotranslational protein targeting to membrane	98	29	3.29	1.8e-10	2.8e-07

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val	p-val adj
4	GO :0072599	establishment of protein localization to endoplasmic reticulum	106	30	3.56	3.0e-10	3.4e-07
5	GO :0000184	nuclear-transcribed mRNA catabolic process, nonsense-mediated decay	104	29	3.49	8.8e-10	8.1e-07
6	GO :0070972	protein localization to endoplasmic reticulum	118	31	3.96	1.2e-09	9.2e-07
7	GO :0006612	protein targeting to membrane	156	35	5.23	9.6e-09	6.3e-06
8	GO :0019080	viral gene expression	161	33	5.40	2.4e-07	0.00014
9	GO :0044033	multi-organism metabolic process	166	33	5.57	5.1e-07	0.00026
10	GO :0090150	establishment of protein localization to membrane	259	44	8.69	7.8e-07	0.00036
11	GO :0019083	viral transcription	155	31	5.20	9.8e-07	0.00041
12	GO :0000956	nuclear-transcribed mRNA catabolic process	162	31	5.43	2.6e-06	0.001
13	GO :0006402	mRNA catabolic process	170	31	5.70	7.4e-06	0.0026
14	GO :0072657	protein localization to membrane	319	48	10.70	8.5e-06	0.0028
15	GO :0006413	translational initiation	218	36	7.31	1.4e-05	0.0043
16	GO :0006415	translational termination	144	27	4.83	1.7e-05	0.0049
17	GO :0006401	RNA catabolic process	188	32	6.31	2.3e-05	0.0062
18	GO :0008299	isoprenoid biosynthetic process	14	7	0.47	3.7e-05	0.0094

E. Résultats des tests d'enrichissement par cluster pour les gènes différentiels avec des tests de Wilcoxon pour $t = +1h$ au seuil 1%

Groupe 1 (effectif = 1159)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0010467	gene expression	3750	357	215.91	2.7e-08
2	GO :0006406	mRNA export from nucleus	68	18	3.92	3.3e-08
3	GO :0070125	mitochondrial translational elongation	68	17	3.92	2.0e-07
4	GO :0070124	mitochondrial translational initiation	69	17	3.97	2.5e-07
5	GO :0070126	mitochondrial translational termination	69	17	3.97	2.5e-07
6	GO :0000398	mRNA splicing, via spliceosome	222	37	12.78	2.6e-06
7	GO :0034968	histone lysine methylation	81	19	4.66	1.7e-05
8	GO :0031124	mRNA 3'-end processing	95	23	5.47	2.4e-05
9	GO :0050434	positive regulation of viral transcription	48	11	2.76	6.8e-05
10	GO :0008380	RNA splicing	317	56	18.25	7.5e-05
11	GO :0007030	Golgi organization	70	16	4.03	8.9e-05
12	GO :0006457	protein folding	186	24	10.71	0.00017
13	GO :0016567	protein ubiquitination	603	63	34.72	0.00031
14	GO :0006355	regulation of transcription, DNA-templated	2567	199	147.80	0.00033
15	GO :0048205	COPI coating of Golgi vesicle	12	5	0.69	0.00035
16	GO :0000209	protein polyubiquitination	184	23	10.59	0.00037
17	GO :0006886	intracellular protein transport	873	84	50.26	0.00050
18	GO :0006369	termination of RNA polymerase II transcription	42	9	2.42	0.00053
19	GO :0032968	positive regulation of transcription elongation from RNA polymerase II promote	13	5	0.75	0.00054
20	GO :0006281	DNA repair	393	39	22.63	0.00062
21	GO :1900364	negative regulation of mRNA polyadenylation	8	4	0.46	0.00063
22	GO :0006446	regulation of translational initiation	71	12	4.09	0.00067
23	GO :0016032	viral process	665	68	38.29	0.00068
24	GO :0045814	negative regulation of gene expression, epigenetic	92	14	5.30	0.00074
25	GO :0046831	regulation of RNA export from nucleus	9	4	0.52	0.00109

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
26	GO :0051571	positive regulation of histone H3-K4 methylation	15	5	0.86	0.00115
27	GO :0006120	mitochondrial electron transport, NADH to ubiquinone	47	9	2.71	0.00125
28	GO :0031047	gene silencing by RNA	58	10	3.34	0.00159
29	GO :0006397	mRNA processing	394	65	22.68	0.00162
30	GO :0006396	RNA processing	503	84	28.96	0.00164
31	GO :0021762	substantia nigra development	40	8	2.30	0.00173
32	GO :0006388	tRNA splicing, via endonucleolytic cleavage and ligation	10	4	0.58	0.00173
33	GO :0060213	positive regulation of nuclear-transcribed mRNA poly(A) tail shortening	10	4	0.58	0.00173
34	GO :0002190	cap-independent translational initiation	5	3	0.29	0.00174
35	GO :0022618	ribonucleoprotein complex assembly	144	24	8.29	0.00184
36	GO :0042254	ribosome biogenesis	174	25	10.02	0.00220
37	GO :0006367	transcription initiation from RNA polymerase II promoter	185	21	10.65	0.00223
38	GO :0006614	SRP-dependent cotranslational protein targeting to membrane	103	14	5.93	0.00227
39	GO :0000122	negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter	586	53	33.74	0.00230
40	GO :0006376	mRNA splice site selection	25	6	1.44	0.00246
41	GO :0034645	cellular macromolecule biosynthetic process	3621	304	208.48	0.00258
42	GO :0051988	regulation of attachment of spindle microtubules to kinetochore	11	4	0.63	0.00260
43	GO :0006417	regulation of translation	248	32	14.28	0.00260
44	GO :0048025	negative regulation of mRNA splicing, via spliceosome	18	5	1.04	0.00285
45	GO :0043967	histone H4 acetylation	53	9	3.05	0.00299
46	GO :0030433	ER-associated ubiquitin-dependent protein catabolic process	44	8	2.53	0.00325
47	GO :0042256	mature ribosome assembly	6	3	0.35	0.00333
48	GO :0051683	establishment of Golgi localization	6	3	0.35	0.00333
49	GO :0006122	mitochondrial electron transport, ubiquinol to cytochrome c	6	3	0.35	0.00333
50	GO :0001833	inner cell mass cell proliferation	12	4	0.69	0.00372
51	GO :0048313	Golgi inheritance	12	4	0.69	0.00372
52	GO :0000381	regulation of alternative mRNA splicing, via spliceosome	27	6	1.55	0.00373
53	GO :0051436	negative regulation of ubiquitin-protein ligase activity involved in mitotic cell cycle	65	10	3.74	0.00379
54	GO :0032446	protein modification by small protein conjugation	641	70	36.91	0.00425
55	GO :0006890	retrograde vesicle-mediated transport, Golgi to ER	28	6	1.61	0.00452
56	GO :0031061	negative regulation of histone methylation	13	4	0.75	0.00513
57	GO :0032075	positive regulation of nuclease activity	68	10	3.92	0.00527

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
58	GO :0000956	nuclear-transcribed mRNA catabolic process	172	22	9.90	0.00530
59	GO :0002478	antigen processing and presentation of exogenous peptide antigen	138	16	7.95	0.00580
60	GO :0006101	citrate metabolic process	30	6	1.73	0.00645
61	GO :0006364	rRNA processing	128	15	7.37	0.00673
62	GO :0034067	protein localization to Golgi apparatus	22	5	1.27	0.00724
63	GO :0016482	cytoplasmic transport	925	94	53.26	0.00769
64	GO :0006338	chromatin remodeling	130	15	7.48	0.00774
65	GO :0006414	translational elongation	176	30	10.13	0.00776

Groupe 2 (effectif = 28)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0019835	cytolysis	28	3	0.03	2.3e-06
2	GO :0001912	positive regulation of leukocyte mediated cytotoxicity	30	2	0.03	0.00037
3	GO :0042267	natural killer cell mediated cytotoxicity	38	2	0.04	0.00060
4	GO :0016485	protein processing	455	4	0.44	0.00072
5	GO :0006968	cellular defense response	50	2	0.05	0.00104
6	GO :0031295	T cell costimulation	56	2	0.05	0.00131
7	GO :0051346	negative regulation of hydrolase activity	286	3	0.28	0.00234
8	GO :0051248	negative regulation of protein metabolic process	726	4	0.71	0.00407
9	GO :0002677	negative regulation of chronic inflammatory response	5	1	0.00	0.00487
10	GO :0060666	dichotomous subdivision of terminal units involved in salivary gland branching	5	1	0.00	0.00487
11	GO :2000402	negative regulation of lymphocyte migration	6	1	0.01	0.00584
12	GO :0051712	positive regulation of killing of cells of other organism	6	1	0.01	0.00584
13	GO :1900271	regulation of long-term synaptic potentiation	6	1	0.01	0.00584
14	GO :0071222	cellular response to lipopolysaccharide	123	2	0.12	0.00613
15	GO :0002418	immune response to tumor cell	7	1	0.01	0.00681
16	GO :0031284	positive regulation of guanylate cyclase activity	7	1	0.01	0.00681
17	GO :0002281	macrophage activation involved in immune response	7	1	0.01	0.00681
18	GO :2000501	regulation of natural killer cell chemotaxis	7	1	0.01	0.00681

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
19	GO :0002689	negative regulation of leukocyte chemotaxis	8	1	0.01	0.00778
20	GO :0006527	arginine catabolic process	8	1	0.01	0.00778
21	GO :0018119	peptidyl-cysteine S-nitrosylation	9	1	0.01	0.00875
22	GO :0001771	immunological synapse formation	10	1	0.01	0.00972
23	GO :0001774	microglial cell activation	10	1	0.01	0.00972
24	GO :0002313	mature B cell differentiation involved in immune response	10	1	0.01	0.00972

Groupe 3 (effectif = 780)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0072594	establishment of protein localization to organelle	512	37	20.40	0.00033
2	GO :0044255	cellular lipid metabolic process	766	50	30.52	0.00037
3	GO :0014889	muscle atrophy	10	4	0.40	0.00043
4	GO :0048384	retinoic acid receptor signaling pathway	28	6	1.12	0.00069
5	GO :0008286	insulin receptor signaling pathway	162	16	6.46	0.00074
6	GO :0031057	negative regulation of histone modification	29	6	1.16	0.00084
7	GO :1901032	negative regulation of response to reactive oxygen species	14	4	0.56	0.00181
8	GO :0046886	positive regulation of hormone biosynthetic process	7	3	0.28	0.00195
9	GO :0008203	cholesterol metabolic process	101	11	4.02	0.00224
10	GO :0016032	viral process	665	44	26.50	0.00246
11	GO :0010603	regulation of cytoplasmic mRNA processing body assembly	8	3	0.32	0.00303
12	GO :1901532	regulation of hematopoietic progenitor cell differentiation	26	5	1.04	0.00323
13	GO :0000077	DNA damage checkpoint	138	13	5.50	0.00343
14	GO :0007202	activation of phospholipase C activity	51	7	2.03	0.00387
15	GO :0042987	amyloid precursor protein catabolic process	17	4	0.68	0.00392
16	GO :0016071	mRNA metabolic process	528	34	21.04	0.00396
17	GO :0051851	modification by host of symbiont morphology or physiology	39	6	1.55	0.00414
18	GO :2000036	regulation of stem cell maintenance	18	4	0.72	0.00488
19	GO :0033522	histone H2A ubiquitination	18	4	0.72	0.00488
20	GO :0071156	regulation of cell cycle arrest	97	10	3.87	0.00520
21	GO :1900408	negative regulation of cellular response to oxidative stress	29	5	1.16	0.00529
22	GO :0031401	positive regulation of protein modification process	830	48	33.07	0.00573
23	GO :0051262	protein tetramerization	84	9	3.35	0.00611
24	GO :0010745	negative regulation of macrophage derived foam cell differentiation	10	3	0.40	0.00612

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
25	GO :1900103	positive regulation of endoplasmic reticulum unfolded protein response	10	3	0.40	0.00612
26	GO :0046719	regulation by virus of viral protein levels in host cell	10	3	0.40	0.00612
27	GO :0001960	negative regulation of cytokine-mediated signaling pathway	31	5	1.24	0.00709
28	GO :0016482	cytoplasmic transport	925	52	36.86	0.00710
29	GO :0032007	negative regulation of TOR signaling	20	4	0.80	0.00726
30	GO :0019637	organophosphate metabolic process	844	48	33.63	0.00777
31	GO :0051338	regulation of transferase activity	802	46	31.96	0.00784
32	GO :1902914	regulation of protein polyubiquitination	11	3	0.44	0.00817
33	GO :0060547	negative regulation of necrotic cell death	11	3	0.44	0.00817
34	GO :0034142	toll-like receptor 4 signaling pathway	104	10	4.14	0.00844
35	GO :1903533	regulation of protein targeting	225	17	8.97	0.00867
36	GO :0043501	skeletal muscle adaptation	21	4	0.84	0.00869
37	GO :0031396	regulation of protein ubiquitination	203	18	8.09	0.00948
38	GO :0050821	protein stabilization	90	9	3.59	0.00952
39	GO :0051603	proteolysis involved in cellular protein catabolic process	500	31	19.92	0.00980

Groupe 4 (effectif = 256)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0070527	platelet aggregation	46	7	0.40	1.3e-07
2	GO :0002576	platelet degranulation	81	7	0.71	6.8e-06
3	GO :0034329	cell junction assembly	201	9	1.77	6.7e-05
4	GO :0007229	integrin-mediated signaling pathway	83	6	0.73	8.7e-05
5	GO :0030334	regulation of cell migration	509	14	4.47	0.00014
6	GO :1900027	regulation of ruffle assembly	13	3	0.11	0.00018
7	GO :0048675	axon extension	76	5	0.67	0.00054
8	GO :0031032	actomyosin structure organization	124	8	1.09	0.00056
9	GO :0045662	negative regulation of myoblast differentiation	19	3	0.17	0.00058
10	GO :0030240	skeletal muscle thin filament assembly	5	2	0.04	0.00075
11	GO :0010256	endomembrane system organization	418	11	3.67	0.00110
12	GO :0042989	sequestering of actin monomers	6	2	0.05	0.00112
13	GO :0061046	regulation of branching involved in lung morphogenesis	6	2	0.05	0.00112
14	GO :0001667	ameboidal-type cell migration	247	8	2.17	0.00148
15	GO :0048227	plasma membrane to endosome transport	7	2	0.06	0.00156
16	GO :0071801	regulation of podosome assembly	7	2	0.06	0.00156

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
17	GO :0051533	positive regulation of NFAT protein import into nucleus	8	2	0.07	0.00207
18	GO :0007167	enzyme linked receptor protein signaling pathway	983	18	8.63	0.00217
19	GO :0071560	cellular response to transforming growth factor beta stimulus	206	7	1.81	0.00224
20	GO :0034446	substrate adhesion-dependent cell spreading	64	4	0.56	0.00239
21	GO :0042551	neuron maturation	31	3	0.27	0.00248
22	GO :0031532	actin cytoskeleton reorganization	65	4	0.57	0.00252
23	GO :0030168	platelet activation	219	13	1.92	0.00305
24	GO :1903901	negative regulation of viral life cycle	69	4	0.61	0.00314
25	GO :0030049	muscle filament sliding	34	3	0.30	0.00323
26	GO :0002863	positive regulation of inflammatory response to antigenic stimulus	10	2	0.09	0.00328
27	GO :0007160	cell-matrix adhesion	165	6	1.45	0.00331
28	GO :0002431	Fc receptor mediated stimulatory signaling pathway	71	4	0.62	0.00348
29	GO :0050766	positive regulation of phagocytosis	36	3	0.32	0.00381
30	GO :0043066	negative regulation of apoptotic process	716	14	6.29	0.00391
31	GO :0016082	synaptic vesicle priming	11	2	0.10	0.00399
32	GO :0034394	protein localization to cell surface	38	3	0.33	0.00445
33	GO :0021762	substantia nigra development	40	3	0.35	0.00514
34	GO :0033631	cell-cell adhesion mediated by integrin	13	2	0.11	0.00560
35	GO :0032273	positive regulation of protein polymerization	83	4	0.73	0.00608
36	GO :0009888	tissue development	1470	24	12.91	0.00625
37	GO :0006909	phagocytosis	178	8	1.56	0.00743
38	GO :1990182	exosomal secretion	15	2	0.13	0.00745
39	GO :0060828	regulation of canonical Wnt signaling pathway	196	6	1.72	0.00758
40	GO :0007265	Ras protein signal transduction	619	12	5.44	0.00801
41	GO :0051493	regulation of cytoskeleton organization	339	10	2.98	0.00807
42	GO :1902600	hydrogen ion transmembrane transport	91	4	0.80	0.00838
43	GO :0097435	fibril organization	16	2	0.14	0.00846
44	GO :0051345	positive regulation of hydrolase activity	703	13	6.17	0.00852
45	GO :0007010	cytoskeleton organization	871	25	7.65	0.00854
46	GO :0030177	positive regulation of Wnt signaling pathway	145	5	1.27	0.00898
47	GO :0072657	protein localization to membrane	404	9	3.55	0.00910
48	GO :0045664	regulation of neuron differentiation	406	9	3.57	0.00939

Groupe 5 (effectif = 1331)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0006413	translational initiation	232	45	16.19	2.0e-07
2	GO :0000398	mRNA splicing, via spliceosome	222	39	15.49	3.0e-05
3	GO :0006415	translational termination	153	30	10.68	5.0e-05
4	GO :0007030	Golgi organization	70	15	4.88	7.7e-05
5	GO :0006614	SRP-dependent cotranslational protein targeting to membrane	103	19	7.19	8.0e-05
6	GO :0050434	positive regulation of viral transcription	48	12	3.35	8.2e-05
7	GO :0006891	intra-Golgi vesicle-mediated transport	31	9	2.16	0.00019
8	GO :0070125	mitochondrial translational elongation	68	14	4.74	0.00021
9	GO :0070124	mitochondrial translational initiation	69	14	4.81	0.00024
10	GO :0006099	tricarboxylic acid cycle	26	8	1.81	0.00027
11	GO :0006414	translational elongation	176	32	12.28	0.00040
12	GO :0006283	transcription-coupled nucleotide-excision repair	42	10	2.93	0.00049
13	GO :0008033	tRNA processing	91	16	6.35	0.00050
14	GO :0000184	nuclear-transcribed mRNA catabolic process, nonsense-mediated decay	111	18	7.74	0.00064
15	GO :0070126	mitochondrial translational termination	69	13	4.81	0.00085
16	GO :0000737	DNA catabolic process, endonucleolytic	54	11	3.77	0.00107
17	GO :0034655	nucleobase-containing compound catabolic process	360	57	25.12	0.00110
18	GO :0006417	regulation of translation	248	31	17.30	0.00111
19	GO :0032968	positive regulation of transcription elongation from RNA polymerase II promoter	13	5	0.91	0.00131
20	GO :0042273	ribosomal large subunit biogenesis	19	6	1.33	0.00140
21	GO :0031123	RNA 3'-end processing	113	23	7.88	0.00191
22	GO :0006913	nucleocytoplasmic transport	416	45	29.03	0.00214
23	GO :0018279	protein N-linked glycosylation via asparagine	104	16	7.26	0.00220
24	GO :0022613	ribonucleoprotein complex biogenesis	289	42	20.16	0.00225
25	GO :0033365	protein localization to organelle	669	76	46.68	0.00226
26	GO :0006412	translation	494	75	34.47	0.00238
27	GO :0014744	positive regulation of muscle adaptation	5	3	0.35	0.00304
28	GO :0042147	retrograde transport, endosome to Golgi	53	10	3.70	0.00324
29	GO :0044237	cellular metabolic process	7806	636	544.65	0.00343
30	GO :0000244	spliceosomal tri-snRNP complex assembly	10	4	0.70	0.00352

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
31	GO :0006047	UDP-N-acetylglucosamine metabolic process	10	4	0.70	0.00352
32	GO :0006368	transcription elongation from RNA polymerase II promoter	76	16	5.30	0.00374
33	GO :0016032	viral process	665	78	46.40	0.00391
34	GO :0006892	post-Golgi vesicle-mediated transport	101	15	7.05	0.00420
35	GO :0000289	nuclear-transcribed mRNA poly(A) tail shortening	31	7	2.16	0.00470
36	GO :0045022	early endosome to late endosome transport	31	7	2.16	0.00470
37	GO :0046386	deoxyribose phosphate catabolic process	17	5	1.19	0.00499
38	GO :1903312	negative regulation of mRNA metabolic process	32	7	2.23	0.00566
39	GO :0001824	blastocyst development	67	11	4.67	0.00628
40	GO :0006888	ER to Golgi vesicle-mediated transport	59	10	4.12	0.00716
41	GO :0009057	macromolecule catabolic process	961	104	67.05	0.00734
42	GO :0000466	maturation of 5.8S rRNA from tricistronic rRNA transcript (SSU-rRNA, 5.8S rRNA, LSU-rRNA)	12	4	0.84	0.00741
43	GO :0016567	protein ubiquitination	603	58	42.07	0.00753
44	GO :0019083	viral transcription	167	28	11.65	0.00767
45	GO :0006369	termination of RNA polymerase II transcription	42	8	2.93	0.00767
46	GO :1901658	glycosyl compound catabolic process	26	6	1.81	0.00780
47	GO :0006378	mRNA polyadenylation	34	7	2.37	0.00802
48	GO :0032200	telomere organization	70	11	4.88	0.00875
49	GO :0006886	intracellular protein transport	873	89	60.91	0.00936
50	GO :0000381	regulation of alternative mRNA splicing, via spliceosome	27	6	1.88	0.00945

Groupe 6 (effectif = 311)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0060333	interferon-gamma-mediated signaling pathway	62	9	0.69	2.5e-08
2	GO :0046543	development of secondary female sexual characteristics	9	3	0.10	0.00011
3	GO :0001776	leukocyte homeostasis	75	6	0.84	0.00018
4	GO :0006954	inflammatory response	516	16	5.75	0.00020
5	GO :2001237	negative regulation of extrinsic apoptotic signaling pathway	85	6	0.95	0.00036
6	GO :0045351	type I interferon biosynthetic process	14	3	0.16	0.00045

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
7	GO :0019218	regulation of steroid metabolic process	64	5	0.71	0.00072
8	GO :0016032	viral process	665	19	7.41	0.00082
9	GO :2000106	regulation of leukocyte apoptotic process	70	5	0.78	0.00108
10	GO :1901701	cellular response to oxygen-containing compound	763	24	8.50	0.00117
11	GO :0072338	cellular lactam metabolic process	5	2	0.06	0.00121
12	GO :0038161	prolactin signaling pathway	5	2	0.06	0.00121
13	GO :0043652	engulfment of apoptotic cell	5	2	0.06	0.00121
14	GO :0007169	transmembrane receptor protein tyrosine kinase signaling pathway	721	21	8.03	0.00127
15	GO :0006493	protein O-linked glycosylation	73	5	0.81	0.00131
16	GO :0006357	regulation of transcription from RNA polymerase II promoter	1395	28	15.54	0.00136
17	GO :0035666	TRIF-dependent toll-like receptor signaling pathway	75	5	0.84	0.00147
18	GO :0031663	lipopolysaccharide-mediated signaling pathway	45	4	0.50	0.00154
19	GO :0032481	positive regulation of type I interferon production	78	5	0.87	0.00176
20	GO :0051704	multi-organism process	1985	47	22.11	0.00177
21	GO :0060397	JAK-STAT cascade involved in growth hormone signaling pathway	22	3	0.25	0.00178
22	GO :0030511	positive regulation of transforming growth factor beta receptor signaling pathway	22	3	0.25	0.00178
23	GO :0001889	liver development	115	6	1.28	0.00179
24	GO :0043415	positive regulation of skeletal muscle tissue regeneration	6	2	0.07	0.00179
25	GO :0019530	taurine metabolic process	6	2	0.07	0.00179
26	GO :0034138	toll-like receptor 3 signaling pathway	83	5	0.92	0.00231
27	GO :1902533	positive regulation of intracellular signal transduction	713	20	7.94	0.00244
28	GO :0071801	regulation of podosome assembly	7	2	0.08	0.00249
29	GO :0045588	positive regulation of gamma-delta T cell differentiation	7	2	0.08	0.00249
30	GO :0045647	negative regulation of erythrocyte differentiation	7	2	0.08	0.00249
31	GO :0060136	embryonic process involved in female pregnancy	7	2	0.08	0.00249
32	GO :0030593	neutrophil chemotaxis	53	4	0.59	0.00283
33	GO :0042110	T cell activation	344	13	3.83	0.00303
34	GO :0042060	wound healing	621	17	6.92	0.00306
35	GO :0033032	regulation of myeloid cell apoptotic process	21	4	0.23	0.00321
36	GO :0045730	respiratory burst	27	3	0.30	0.00325
37	GO :0050690	regulation of defense response to virus by virus	27	3	0.30	0.00325
38	GO :0006573	valine metabolic process	8	2	0.09	0.00330
39	GO :0010759	positive regulation of macrophage chemotaxis	8	2	0.09	0.00330

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
40	GO :2000192	negative regulation of fatty acid transport	8	2	0.09	0.00330
41	GO :0070669	response to interleukin-2	8	2	0.09	0.00330
42	GO :0006107	oxaloacetate metabolic process	8	2	0.09	0.00330
43	GO :0002758	innate immune response-activating signal transduction	166	9	1.85	0.00355
44	GO :0060338	regulation of type I interferon-mediated signaling pathway	28	3	0.31	0.00361
45	GO :0051235	maintenance of location	275	9	3.06	0.00364
46	GO :0050852	T cell receptor signaling pathway	93	5	1.04	0.00379
47	GO :0045893	positive regulation of transcription, DNA-templated	1076	22	11.99	0.00381
48	GO :0045088	regulation of innate immune response	250	15	2.79	0.00391
49	GO :0071216	cellular response to biotic stimulus	142	9	1.58	0.00406
50	GO :0060337	type I interferon signaling pathway	58	6	0.65	0.00417
51	GO :1901216	positive regulation of neuron death	59	4	0.66	0.00418
52	GO :0006600	creatine metabolic process	9	2	0.10	0.00421
53	GO :0045741	positive regulation of epidermal growth factor receptor activity	9	2	0.10	0.00421
54	GO :1902337	regulation of apoptotic process involved in morphogenesis	9	2	0.10	0.00421
55	GO :0051607	defense response to virus	167	9	1.86	0.00431
56	GO :0001912	positive regulation of leukocyte mediated cytotoxicity	30	3	0.33	0.00441
57	GO :2000027	regulation of organ morphogenesis	138	6	1.54	0.00443
58	GO :0002708	positive regulation of lymphocyte mediated immunity	60	4	0.67	0.00444
59	GO :1901699	cellular response to nitrogen compound	486	15	5.41	0.00480
60	GO :0032870	cellular response to hormone stimulus	492	15	5.48	0.00514
61	GO :0050673	epithelial cell proliferation	290	9	3.23	0.00514
62	GO :0032352	positive regulation of hormone metabolic process	10	2	0.11	0.00523
63	GO :0001553	luteinization	10	2	0.11	0.00523
64	GO :0048541	Peyer's patch development	10	2	0.11	0.00523
65	GO :0032825	positive regulation of natural killer cell differentiation	10	2	0.11	0.00523
66	GO :0045086	positive regulation of interleukin-2 biosynthetic process	10	2	0.11	0.00523
67	GO :0006105	succinate metabolic process	10	2	0.11	0.00523
68	GO :0043923	positive regulation by host of viral transcription	10	2	0.11	0.00523
69	GO :0030856	regulation of epithelial cell differentiation	102	5	1.14	0.00561
70	GO :0001817	regulation of cytokine production	454	17	5.06	0.00571
71	GO :0010761	fibroblast migration	33	3	0.37	0.00578
72	GO :0036293	response to decreased oxygen levels	243	8	2.71	0.00582
73	GO :0097285	cell-type specific apoptotic process	383	14	4.27	0.00593
74	GO :0034142	toll-like receptor 4 signaling pathway	104	5	1.16	0.00608
75	GO :0032496	response to lipopolysaccharide	245	11	2.73	0.00613

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
76	GO :0033077	T cell differentiation in thymus	66	4	0.74	0.00623
77	GO :0006910	phagocytosis, recognition	11	2	0.12	0.00635
78	GO :2000251	positive regulation of actin cytoskeleton reorganization	11	2	0.12	0.00635
79	GO :0002366	leukocyte activation involved in immune response	149	6	1.66	0.00641
80	GO :0038095	Fc-epsilon receptor signaling pathway	152	6	1.69	0.00705
81	GO :1903828	negative regulation of cellular protein localization	108	5	1.20	0.00712
82	GO :0030260	entry into host cell	69	4	0.77	0.00729
83	GO :0097190	apoptotic signaling pathway	541	17	6.03	0.00789
84	GO :0007346	regulation of mitotic cell cycle	369	10	4.11	0.00824
85	GO :0042590	antigen processing and presentation of exogenous peptide antigen via MHC class I	72	4	0.80	0.00845
86	GO :1903363	negative regulation of cellular protein catabolic process	72	4	0.80	0.00845
87	GO :0006509	membrane protein ectodomain proteolysis	38	3	0.42	0.00858
88	GO :1902041	regulation of extrinsic apoptotic signaling pathway via death domain receptors	38	3	0.42	0.00858
89	GO :0051353	positive regulation of oxidoreductase activity	38	3	0.42	0.00858
90	GO :0042789	mRNA transcription from RNA polymerase II promoter	13	2	0.14	0.00887
91	GO :0033033	negative regulation of myeloid cell apoptotic process	13	2	0.14	0.00887
92	GO :0072216	positive regulation of metanephros development	13	2	0.14	0.00887
93	GO :0045579	positive regulation of B cell differentiation	13	2	0.14	0.00887
94	GO :0060192	negative regulation of lipase activity	13	2	0.14	0.00887
95	GO :0030100	regulation of endocytosis	162	6	1.80	0.00951
96	GO :0050663	cytokine secretion	116	5	1.29	0.00954
97	GO :0043123	positive regulation of I-kappaB kinase/NF-kappaB signaling	163	6	1.82	0.00978
98	GO :0007595	lactation	40	3	0.45	0.00989
99	GO :0045661	regulation of myoblast differentiation	40	3	0.45	0.00989

Groupe 7 (effectif = 749)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0051569	regulation of histone H3-K4 methylation	25	6	0.78	9.3e-05

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
2	GO :0050690	regulation of defense response to virus by virus	27	6	0.84	0.00015
3	GO :0022904	respiratory electron transport chain	114	15	3.54	0.00019
4	GO :0032776	DNA methylation on cytosine	12	4	0.37	0.00037
5	GO :0006406	mRNA export from nucleus	68	8	2.11	0.00117
6	GO :0006271	DNA strand elongation involved in DNA replication	29	5	0.90	0.00181
7	GO :0046185	aldehyde catabolic process	9	3	0.28	0.00217
8	GO :0046854	phosphatidylinositol phosphorylation	32	5	0.99	0.00284
9	GO :0006120	mitochondrial electron transport, NADH to ubiquinone	47	6	1.46	0.00316
10	GO :0009206	purine ribonucleoside triphosphate biosynthetic process	48	6	1.49	0.00352
11	GO :0007033	vacuole organization	99	9	3.08	0.00362
12	GO :0000398	mRNA splicing, via spliceosome	222	15	6.90	0.00398
13	GO :0010510	regulation of acetyl-CoA biosynthetic process from pyruvate	11	3	0.34	0.00408
14	GO :0006744	ubiquinone biosynthetic process	11	3	0.34	0.00408
15	GO :0051570	regulation of histone H3-K9 methylation	12	3	0.37	0.00531
16	GO :0046128	purine ribonucleoside metabolic process	216	18	6.71	0.00592
17	GO :0036092	phosphatidylinositol-3-phosphate biosynthetic process	13	3	0.40	0.00674
18	GO :0031061	negative regulation of histone methylation	13	3	0.40	0.00674
19	GO :0070734	histone H3-K27 methylation	13	3	0.40	0.00674
20	GO :1902116	negative regulation of organelle assembly	13	3	0.40	0.00674
21	GO :0031295	T cell costimulation	56	6	1.74	0.00757
22	GO :0021762	substantia nigra development	40	5	1.24	0.00758
23	GO :2000107	negative regulation of leukocyte apoptotic process	40	5	1.24	0.00758
24	GO :1900740	positive regulation of protein insertion into mitochondrial membrane involved in apoptotic signaling pathway	26	4	0.81	0.00797
25	GO :0006099	tricarboxylic acid cycle	26	4	0.81	0.00797
26	GO :0050852	T cell receptor signaling pathway	93	8	2.89	0.00825
27	GO :0044068	modulation by symbiont of host cellular process	14	3	0.43	0.00839
28	GO :0006886	intracellular protein transport	873	40	27.12	0.00849
29	GO :0032507	maintenance of protein location in cell	114	9	3.54	0.00904
30	GO :0046951	ketone body biosynthetic process	5	2	0.16	0.00904
31	GO :0051665	membrane raft localization	5	2	0.16	0.00904
32	GO :1903332	regulation of protein folding	5	2	0.16	0.00904
33	GO :0006369	termination of RNA polymerase II transcription	42	5	1.30	0.00932

Groupe 8 (effectif = 1036)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0019083	viral transcription	167	26	7.78	5.5e-08
2	GO :0006614	SRP-dependent cotranslational protein targeting to membrane	103	18	4.80	1.1e-06
3	GO :0006414	translational elongation	176	24	8.20	4.1e-05
4	GO :0000184	nuclear-transcribed mRNA catabolic process, nonsense-mediated decay	111	16	5.17	5.3e-05
5	GO :0006283	transcription-coupled nucleotide-excision repair	42	9	1.96	0.00011
6	GO :0006260	DNA replication	257	26	11.98	0.00017
7	GO :0006107	oxaloacetate metabolic process	8	4	0.37	0.00028
8	GO :0016568	chromatin modification	508	47	23.67	0.00042
9	GO :0006413	translational initiation	232	26	10.81	0.00044
10	GO :0006020	inositol metabolic process	9	4	0.42	0.00049
11	GO :0016032	viral process	665	69	30.99	0.00070
12	GO :0038095	Fc-epsilon receptor signaling pathway	152	17	7.08	0.00071
13	GO :0031954	positive regulation of protein autophosphorylation	17	5	0.79	0.00084
14	GO :0000398	mRNA splicing, via spliceosome	222	28	10.34	0.00089
15	GO :0010216	maintenance of DNA methylation	5	3	0.23	0.00094
16	GO :0051343	positive regulation of cyclic-nucleotide phosphodiesterase activity	5	3	0.23	0.00094
17	GO :0006099	tricarboxylic acid cycle	26	6	1.21	0.00103
18	GO :0031295	T cell costimulation	56	9	2.61	0.00104
19	GO :0045814	negative regulation of gene expression, epigenetic	92	12	4.29	0.00112
20	GO :0008380	RNA splicing	317	40	14.77	0.00113
21	GO :0032784	regulation of DNA-templated transcription, elongation	37	7	1.72	0.00140
22	GO :0009083	branched-chain amino acid catabolic process	19	5	0.89	0.00146
23	GO :0019509	L-methionine biosynthetic process from methylthioadenosine	6	3	0.28	0.00181
24	GO :0006415	translational termination	153	16	7.13	0.00206
25	GO :2001057	reactive nitrogen species metabolic process	74	10	3.45	0.00218
26	GO :0006417	regulation of translation	248	25	11.56	0.00235
27	GO :0006974	cellular response to DNA damage stimulus	629	52	29.31	0.00287
28	GO :0042147	retrograde transport, endosome to Golgi	53	8	2.47	0.00294
29	GO :0007093	mitotic cell cycle checkpoint	159	16	7.41	0.00305
30	GO :0050862	positive regulation of T cell receptor signaling pathway	7	3	0.33	0.00306

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
31	GO :0060316	positive regulation of ryanodine-sensitive calcium-release channel activity	7	3	0.33	0.00306
32	GO :0016584	nucleosome positioning	7	3	0.33	0.00306
33	GO :0009223	pyrimidine deoxyribonucleotide catabolic process	7	3	0.33	0.00306
34	GO :0048010	vascular endothelial growth factor receptor signaling pathway	117	13	5.45	0.00309
35	GO :0051028	mRNA transport	113	15	5.27	0.00311
36	GO :0031333	negative regulation of protein complex assembly	92	11	4.29	0.00357
37	GO :0005980	glycogen catabolic process	24	5	1.12	0.00439
38	GO :0008543	fibroblast growth factor receptor signaling pathway	165	16	7.69	0.00439
39	GO :0000245	spliceosomal complex assembly	45	7	2.10	0.00446
40	GO :0010827	regulation of glucose transport	82	10	3.82	0.00465
41	GO :0022027	interkinetic nuclear migration	8	3	0.37	0.00473
42	GO :0034770	histone H4-K20 methylation	8	3	0.37	0.00473
43	GO :0006734	NADH metabolic process	8	3	0.37	0.00473
44	GO :0006336	DNA replication-independent nucleosome assembly	35	6	1.63	0.00510
45	GO :0018205	peptidyl-lysine modification	254	24	11.84	0.00522
46	GO :0000722	telomere maintenance via recombination	25	5	1.16	0.00528
47	GO :0001731	formation of translation preinitiation complex	16	4	0.75	0.00542
48	GO :1903321	negative regulation of protein modification by small protein conjugation or removal	111	12	5.17	0.00548
49	GO :0034637	cellular carbohydrate biosynthetic process	71	9	3.31	0.00550
50	GO :0006383	transcription from RNA polymerase III promoter	47	7	2.19	0.00571
51	GO :1902680	positive regulation of RNA biosynthetic process	1099	69	51.21	0.00619
52	GO :0006364	rRNA processing	128	13	5.96	0.00666
53	GO :0016973	poly(A)+ mRNA export from nucleus	9	3	0.42	0.00685
54	GO :0002115	store-operated calcium entry	9	3	0.42	0.00685
55	GO :0010388	cullin deneddylation	9	3	0.42	0.00685
56	GO :1901844	regulation of cell communication by electrical coupling involved in cardiac conduction	9	3	0.42	0.00685
57	GO :0044248	cellular catabolic process	1507	108	70.22	0.00696
58	GO :0050792	regulation of viral process	159	15	7.41	0.00733
59	GO :0006298	mismatch repair	27	5	1.26	0.00743
60	GO :0007062	sister chromatid cohesion	38	6	1.77	0.00771
61	GO :0051188	cofactor biosynthetic process	131	13	6.10	0.00805
62	GO :0006448	regulation of translational elongation	18	4	0.84	0.00847
63	GO :0006368	transcription elongation from RNA polymerase II promoter	76	9	3.54	0.00857

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
64	GO :0034453	microtubule anchoring	39	6	1.82	0.00876
65	GO :0031023	microtubule organizing center organization	90	10	4.19	0.00894
66	GO :0043044	ATP-dependent chromatin remodeling	51	7	2.38	0.00896
67	GO :0018279	protein N-linked glycosylation via asparagine	104	11	4.85	0.00900
68	GO :1901988	negative regulation of cell cycle phase transition	148	14	6.90	0.00919
69	GO :0051053	negative regulation of DNA metabolic process	77	9	3.59	0.00932
70	GO :0000244	spliceosomal tri-snRNP complex assembly	10	3	0.47	0.00945
71	GO :0039694	viral RNA genome replication	10	3	0.47	0.00945
72	GO :0070935	3'-UTR-mediated mRNA stabilization	10	3	0.47	0.00945

Groupe 9 (effectif = 1096)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0031124	mRNA 3'-end processing	95	17	5.15	1.2e-05
2	GO :0070125	mitochondrial translational elongation	68	14	3.68	1.3e-05
3	GO :0006414	translational elongation	176	32	9.53	1.5e-05
4	GO :0070124	mitochondrial translational initiation	69	14	3.74	1.6e-05
5	GO :0070126	mitochondrial translational termination	69	14	3.74	1.6e-05
6	GO :0000398	mRNA splicing, via spliceosome	222	32	12.02	1.7e-05
7	GO :0006417	regulation of translation	248	33	13.43	1.9e-05
8	GO :0006413	translational initiation	232	41	12.57	4.0e-05
9	GO :0006364	rRNA processing	128	22	6.93	4.3e-05
10	GO :0010388	cullin deneddylation	9	5	0.49	4.8e-05
11	GO :0000184	nuclear-transcribed mRNA catabolic process, nonsense-mediated	111	17	6.01	9.3e-05
12	GO :0034976	response to endoplasmic reticulum stress	163	21	8.83	0.00019
13	GO :0006886	intracellular protein transport	873	89	47.28	0.00038
14	GO :0006614	SRP-dependent cotranslational protein targeting to membrane	103	15	5.58	0.00041
15	GO :0006415	translational termination	153	27	8.29	0.00047
16	GO :0006890	retrograde vesicle-mediated transport, Golgi to ER	28	7	1.52	0.00058
17	GO :0000288	nuclear-transcribed mRNA catabolic process, deadenylation-dependent decay	58	10	3.14	0.00100
18	GO :0016032	viral process	665	60	36.02	0.00128

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
19	GO :0060628	regulation of ER to Golgi vesicle-mediated transport	10	4	0.54	0.00138
20	GO :0032057	negative regulation of translational initiation in response to stress	5	3	0.27	0.00146
21	GO :0006626	protein targeting to mitochondrion	105	14	5.69	0.00154
22	GO :0006369	termination of RNA polymerase II transcription	42	8	2.27	0.00163
23	GO :0006418	tRNA aminoacylation for protein translation	42	8	2.27	0.00163
24	GO :0006099	tricarboxylic acid cycle	26	6	1.41	0.00224
25	GO :0000209	protein polyubiquitination	184	20	9.97	0.00231
26	GO :0002474	antigen processing and presentation of peptide antigen via MHC class I	98	13	5.31	0.00235
27	GO :0051084	'de novo' posttranslational protein folding	45	8	2.44	0.00258
28	GO :0000381	regulation of alternative mRNA splicing, via spliceosome	27	6	1.46	0.00275
29	GO :0043648	dicarboxylic acid metabolic process	77	11	4.17	0.00276
30	GO :0034498	early endosome to Golgi transport	6	3	0.32	0.00280
31	GO :0002246	wound healing involved in inflammatory response	6	3	0.32	0.00280
32	GO :0036302	atrioventricular canal development	6	3	0.32	0.00280
33	GO :0033539	fatty acid beta-oxidation using acyl-CoA dehydrogenase	6	3	0.32	0.00280
34	GO :0048205	COPI coating of Golgi vesicle	12	4	0.65	0.00298
35	GO :0006120	mitochondrial electron transport, NADH to ubiquinone	47	8	2.55	0.00342
36	GO :0019886	antigen processing and presentation of exogenous peptide antigen via MHC class II	68	10	3.68	0.00342
37	GO :0006406	mRNA export from nucleus	68	10	3.68	0.00342
38	GO :0050686	negative regulation of mRNA processing	29	6	1.57	0.00402
39	GO :0006732	coenzyme metabolic process	194	23	10.51	0.00410
40	GO :0006098	pentose-phosphate shunt	13	4	0.70	0.00412
41	GO :0042789	mRNA transcription from RNA polymerase II promoter	13	4	0.70	0.00412
42	GO :0043161	proteasome-mediated ubiquitin-dependent protein catabolic process	334	30	18.09	0.00449
43	GO :0071025	RNA surveillance	7	3	0.38	0.00470
44	GO :0061687	detoxification of inorganic compound	7	3	0.38	0.00470
45	GO :1903204	negative regulation of oxidative stress-induced neuron death	7	3	0.38	0.00470
46	GO :0006367	transcription initiation from RNA polymerase II promoter	185	19	10.02	0.00548
47	GO :0034315	regulation of Arp2/3 complex-mediated actin nucleation	14	4	0.76	0.00552
48	GO :0043457	regulation of cellular respiration	14	4	0.76	0.00552
49	GO :0035357	peroxisome proliferator activated receptor signaling pathway	14	4	0.76	0.00552

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
50	GO :0006977	DNA damage response, signal transduction by p53 class mediator resulting in cell cycle arrest	62	9	3.36	0.00587
51	GO :0050848	regulation of calcium-mediated signaling	42	7	2.27	0.00681
52	GO :0051571	positive regulation of histone H3-K4 methylation	15	4	0.81	0.00721
53	GO :0060292	long term synaptic depression	15	4	0.81	0.00721
54	GO :0002183	cytoplasmic translational initiation	8	3	0.43	0.00721
55	GO :0071218	cellular response to misfolded protein	8	3	0.43	0.00721
56	GO :0044238	primary metabolic process	7664	499	415.08	0.00737
57	GO :0006368	transcription elongation from RNA polymerase II promoter	76	10	4.12	0.00764
58	GO :1903052	positive regulation of proteolysis involved in cellular protein catabolic process	138	15	7.47	0.00774
59	GO :0030490	maturation of SSU-rRNA	33	6	1.79	0.00780

Groupe 10 (effectif = 1210)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0019083	viral transcription	167	23	9.75	0.00011
2	GO :0006413	translational initiation	232	31	13.55	0.00033
3	GO :0043666	regulation of phosphoprotein phosphatase activity	26	7	1.52	0.00056
4	GO :0006414	translational elongation	176	22	10.28	0.00059
5	GO :0035195	gene silencing by miRNA	34	8	1.99	0.00061
6	GO :0010603	regulation of cytoplasmic mRNA processing body assembly	8	4	0.47	0.00067
7	GO :0000184	nuclear-transcribed mRNA catabolic process, nonsense-mediated decay	111	16	6.48	0.00069
8	GO :0006397	mRNA processing	394	43	23.00	0.00073
9	GO :0008380	RNA splicing	317	37	18.51	0.00074
10	GO :0032259	methylation	264	29	15.41	0.00077
11	GO :0006614	SRP-dependent cotranslational protein targeting to membrane	103	15	6.01	0.00090
12	GO :0006415	translational termination	153	19	8.93	0.00147
13	GO :0006400	tRNA modification	39	8	2.28	0.00159
14	GO :0033044	regulation of chromosome organization	202	23	11.79	0.00163
15	GO :0006405	RNA export from nucleus	79	12	4.61	0.00199
16	GO :0006355	regulation of transcription, DNA-templated	2567	192	149.88	0.00201
17	GO :0034655	nucleobase-containing compound catabolic process	360	42	21.02	0.00240
18	GO :0006396	RNA processing	503	57	29.37	0.00263

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
19	GO :0002903	negative regulation of B cell apoptotic process	11	4	0.64	0.00273
20	GO :2000112	regulation of cellular macromolecule biosynthetic process	2841	222	165.88	0.00293
21	GO :0000086	G2/M transition of mitotic cell cycle	152	18	8.88	0.00328
22	GO :2001020	regulation of response to DNA damage stimulus	117	15	6.83	0.00329
23	GO :0006004	fucose metabolic process	12	4	0.70	0.00391
24	GO :0022613	ribonucleoprotein complex biogenesis	289	37	16.87	0.00395
25	GO :0000381	regulation of alternative mRNA splicing, via spliceosome	27	6	1.58	0.00399
26	GO :0006261	DNA-dependent DNA replication	98	13	5.72	0.00447
27	GO :0045892	negative regulation of transcription, DNA-templated	837	67	48.87	0.00483
28	GO :0046827	positive regulation of protein export from nucleus	13	4	0.76	0.00539
29	GO :0022618	ribonucleoprotein complex assembly	144	20	8.41	0.00549
30	GO :0007031	peroxisome organization	29	6	1.69	0.00580
31	GO :0009062	fatty acid catabolic process	68	10	3.97	0.00581
32	GO :1903204	negative regulation of oxidative stress-induced neuron death	7	3	0.41	0.00581
33	GO :1903047	mitotic cell cycle process	726	66	42.39	0.00583
34	GO :0006470	protein dephosphorylation	161	18	9.40	0.00603
35	GO :0006366	transcription from RNA polymerase II promoter	1534	112	89.57	0.00640
36	GO :0000077	DNA damage checkpoint	138	16	8.06	0.00661
37	GO :0032435	negative regulation of proteasomal ubiquitin-dependent protein catabolic process	59	9	3.44	0.00682
38	GO :0051289	protein homotetramerization	49	8	2.86	0.00697
39	GO :0010468	regulation of gene expression	3100	243	181.00	0.00698
40	GO :0046459	short-chain fatty acid metabolic process	14	4	0.82	0.00720
41	GO :0035510	DNA dealkylation	14	4	0.82	0.00720
42	GO :0006446	regulation of translational initiation	71	10	4.15	0.00789
43	GO :0070646	protein modification by small protein removal	94	12	5.49	0.00838
44	GO :0033483	gas homeostasis	8	3	0.47	0.00890
45	GO :0051342	regulation of cyclic-nucleotide phosphodiesterase activity	8	3	0.47	0.00890
46	GO :0002183	cytoplasmic translational initiation	8	3	0.47	0.00890
47	GO :0031507	heterochromatin assembly	8	3	0.47	0.00890
48	GO :0043983	histone H4-K12 acetylation	8	3	0.47	0.00890
49	GO :0009116	nucleoside metabolic process	246	24	14.36	0.00939
50	GO :0005977	glycogen metabolic process	73	10	4.26	0.00957

Groupe 11 (effectif = 562)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0030218	erythrocyte differentiation	94	11	2.44	3.1e-05
2	GO :0036499	PERK-mediated unfolded protein response	9	4	0.23	5.1e-05
3	GO :0043161	proteasome-mediated ubiquitin-dependent protein catabolic process	334	21	8.66	0.00017
4	GO :0032481	positive regulation of type I interferon production	78	9	2.02	0.00018
5	GO :0043066	negative regulation of apoptotic process	716	35	18.57	0.00022
6	GO :0006888	ER to Golgi vesicle-mediated transport	59	10	1.53	0.00024
7	GO :0015809	arginine transport	6	3	0.16	0.00033
8	GO :1901998	toxin transport	37	6	0.96	0.00034
9	GO :0034976	response to endoplasmic reticulum stress	163	18	4.23	0.00041
10	GO :0031398	positive regulation of protein ubiquitination	146	12	3.79	0.00042
11	GO :0007169	transmembrane receptor protein tyrosine kinase signaling pathway	721	37	18.70	0.00044
12	GO :0060136	embryonic process involved in female pregnancy	7	3	0.18	0.00056
13	GO :0006886	intracellular protein transport	873	39	22.65	0.00059
14	GO :0035666	TRIF-dependent toll-like receptor signaling pathway	75	8	1.95	0.00070
15	GO :0007339	binding of sperm to zona pellucida	29	5	0.75	0.00081
16	GO :0061418	regulation of transcription from RNA polymerase II promoter in response to hypoxia	29	5	0.75	0.00081
17	GO :0001782	B cell homeostasis	29	5	0.75	0.00081
18	GO :0070669	response to interleukin-2	8	3	0.21	0.00088
19	GO :0030851	granulocyte differentiation	30	5	0.78	0.00095
20	GO :0051084	'de novo' posttranslational protein folding	45	6	1.17	0.00101
21	GO :0050770	regulation of axonogenesis	121	10	3.14	0.00119
22	GO :0045944	positive regulation of transcription from RNA polymerase II promoter	816	36	21.17	0.00121
23	GO :0090161	Golgi ribbon formation	9	3	0.23	0.00129
24	GO :0022406	membrane docking	64	7	1.66	0.00129
25	GO :0034138	toll-like receptor 3 signaling pathway	83	8	2.15	0.00137
26	GO :0060628	regulation of ER to Golgi vesicle-mediated transport	10	3	0.26	0.00181
27	GO :1902237	positive regulation of endoplasmic reticulum stress-induced intrinsic apoptotic signaling pathway	10	3	0.26	0.00181
28	GO :0018210	peptidyl-threonine modification	70	7	1.82	0.00219
29	GO :0050766	positive regulation of phagocytosis	36	5	0.93	0.00222

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
30	GO :0051092	positive regulation of NF-kappaB transcription factor activity	110	9	2.85	0.00222
31	GO :0038093	Fc receptor signaling pathway	201	13	5.21	0.00226
32	GO :0034341	response to interferon-gamma	100	11	2.59	0.00266
33	GO :0051701	interaction with host	135	10	3.50	0.00270
34	GO :0032482	Rab protein signal transduction	472	23	12.24	0.00282
35	GO :0030183	B cell differentiation	93	8	2.41	0.00283
36	GO :0043029	T cell homeostasis	38	5	0.99	0.00283
37	GO :0043618	regulation of transcription from RNA polymerase II promoter in response to stress	53	9	1.37	0.00298
38	GO :1903052	positive regulation of proteolysis involved in cellular protein catabolic process	138	10	3.58	0.00317
39	GO :0032091	negative regulation of protein binding	56	6	1.45	0.00317
40	GO :0035556	intracellular signal transduction	2196	91	56.97	0.00321
41	GO :0043370	regulation of CD4-positive, alpha-beta T cell differentiation	25	4	0.65	0.00365
42	GO :0048596	embryonic camera-type eye morphogenesis	25	4	0.65	0.00365
43	GO :0007035	vacuolar acidification	13	3	0.34	0.00408
44	GO :0050860	negative regulation of T cell receptor signaling pathway	13	3	0.34	0.00408
45	GO :0051091	positive regulation of sequence-specific DNA binding transcription factor activity	190	16	4.93	0.00419
46	GO :0045454	cell redox homeostasis	61	6	1.58	0.00487
47	GO :1903020	positive regulation of glycoprotein metabolic process	14	3	0.36	0.00509
48	GO :0060333	interferon-gamma-mediated signaling pathway	62	6	1.61	0.00528
49	GO :0060338	regulation of type I interferon-mediated signaling pathway	28	4	0.73	0.00556
50	GO :0034142	toll-like receptor 4 signaling pathway	104	8	2.70	0.00560
51	GO :0006987	activation of signaling protein activity involved in unfolded protein response	63	6	1.63	0.00571
52	GO :0034166	toll-like receptor 10 signaling pathway	63	6	1.63	0.00571
53	GO :0006913	nucleocytoplasmic transport	416	20	10.79	0.00602
54	GO :0034146	toll-like receptor 5 signaling pathway	64	6	1.66	0.00616
55	GO :0007264	small GTPase mediated signal transduction	707	36	18.34	0.00628
56	GO :0010559	regulation of glycoprotein biosynthetic process	29	4	0.75	0.00632
57	GO :0060396	growth hormone receptor signaling pathway	29	4	0.75	0.00632
58	GO :0032819	positive regulation of natural killer cell proliferation	5	2	0.13	0.00637
59	GO :0007343	egg activation	5	2	0.13	0.00637

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
60	GO :0035751	regulation of lysosomal lumen pH	5	2	0.13	0.00637
61	GO :0035771	interleukin-4-mediated signaling pathway	5	2	0.13	0.00637
62	GO :0006896	Golgi to vacuole transport	5	2	0.13	0.00637
63	GO :0051454	intracellular pH elevation	5	2	0.13	0.00637
64	GO :0038161	prolactin signaling pathway	5	2	0.13	0.00637
65	GO :0002309	T cell proliferation involved in immune response	5	2	0.13	0.00637
66	GO :1903557	positive regulation of tumor necrosis factor superfamily cytokine production	46	5	1.19	0.00653
67	GO :0070936	protein K48-linked ubiquitination	46	5	1.19	0.00653
68	GO :0080135	regulation of cellular response to stress	434	23	11.26	0.00672
69	GO :0071363	cellular response to growth factor stimulus	597	26	15.49	0.00680
70	GO :0046006	regulation of activated T cell proliferation	30	4	0.78	0.00715
71	GO :0001912	positive regulation of leukocyte mediated cytotoxicity	30	4	0.78	0.00715
72	GO :0050851	antigen receptor-mediated signaling pathway	123	11	3.19	0.00744
73	GO :0030212	hyaluronan metabolic process	31	4	0.80	0.00805
74	GO :0038123	toll-like receptor TLR1 :TLR2 signaling pathway	68	6	1.76	0.00826
75	GO :0038124	toll-like receptor TLR6 :TLR2 signaling pathway	68	6	1.76	0.00826
76	GO :0005978	glycogen biosynthetic process	49	5	1.27	0.00853
77	GO :0061025	membrane fusion	135	9	3.50	0.00855
78	GO :2000058	regulation of protein ubiquitination involved in ubiquitin-dependent protein catabolic process	90	7	2.33	0.00881
79	GO :1902591	single-organism membrane budding	32	4	0.83	0.00901
80	GO :0030219	megakaryocyte differentiation	32	4	0.83	0.00901
81	GO :0032092	positive regulation of protein binding	50	5	1.30	0.00928
82	GO :0043320	natural killer cell degranulation	6	2	0.16	0.00939
83	GO :0060613	fat pad development	6	2	0.16	0.00939
84	GO :0036289	peptidyl-serine autophosphorylation	6	2	0.16	0.00939
85	GO :0051459	regulation of corticotropin secretion	6	2	0.16	0.00939
86	GO :2000628	regulation of miRNA metabolic process	6	2	0.16	0.00939

Groupe 12 (effectif = 1519)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0019083	viral transcription	167	33	12.97	4.8e-07

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
2	GO :0006614	SRP-dependent cotranslational protein targeting to membrane	103	23	8.00	3.0e-06
3	GO :0006414	translational elongation	176	30	13.67	3.4e-05
4	GO :0000184	nuclear-transcribed mRNA catabolic process, nonsense-mediated	111	22	8.62	3.6e-05
5	GO :0043161	proteasome-mediated ubiquitin-dependent protein catabolic process	334	47	25.94	4.7e-05
6	GO :0006417	regulation of translation	248	40	19.26	4.9e-05
7	GO :0008380	RNA splicing	317	59	24.62	7.7e-05
8	GO :0000398	mRNA splicing, via spliceosome	222	40	17.24	0.00011
9	GO :0006413	translational initiation	232	35	18.02	0.00011
10	GO :0019673	GDP-mannose metabolic process	8	5	0.62	0.00013
11	GO :0031397	negative regulation of protein ubiquitination	106	20	8.23	0.00017
12	GO :0010452	histone H3-K36 methylation	9	5	0.70	0.00027
13	GO :0018279	protein N-linked glycosylation via asparagine	104	19	8.08	0.00037
14	GO :0006415	translational termination	153	27	11.88	0.00038
15	GO :0006888	ER to Golgi vesicle-mediated transport	59	13	4.58	0.00048
16	GO :0009226	nucleotide-sugar biosynthetic process	15	6	1.16	0.00059
17	GO :0072594	establishment of protein localization to organelle	512	73	39.76	0.00061
18	GO :0006289	nucleotide-excision repair	77	15	5.98	0.00074
19	GO :0016567	protein ubiquitination	603	79	46.83	0.00123
20	GO :0006886	intracellular protein transport	873	104	67.80	0.00180
21	GO :0043687	post-translational protein modification	211	29	16.39	0.00183
22	GO :0006488	dolichol-linked oligosaccharide biosynthetic process	52	11	4.04	0.00184
23	GO :0006406	mRNA export from nucleus	68	13	5.28	0.00196
24	GO :0034770	histone H4-K20 methylation	8	4	0.62	0.00196
25	GO :0000209	protein polyubiquitination	184	26	14.29	0.00208
26	GO :0070647	protein modification by small protein conjugation or removal	720	97	55.92	0.00263
27	GO :0006282	regulation of DNA repair	55	11	4.27	0.00294
28	GO :0044237	cellular metabolic process	7806	713	606.22	0.00297
29	GO :0090239	regulation of histone H4 acetylation	9	4	0.70	0.00332
30	GO :2000058	regulation of protein ubiquitination involved in ubiquitin-dependent protein catabolic process	90	15	6.99	0.00374
31	GO :0006378	mRNA polyadenylation	34	8	2.64	0.00378
32	GO :0010606	positive regulation of cytoplasmic mRNA processing body assembly	5	3	0.39	0.00414
33	GO :0018377	protein myristoylation	5	3	0.39	0.00414
34	GO :0070934	CRD-mediated mRNA stabilization	5	3	0.39	0.00414
35	GO :0032212	positive regulation of telomere maintenance via telomerase	5	3	0.39	0.00414
36	GO :0006498	N-terminal protein lipidation	5	3	0.39	0.00414
37	GO :0051568	histone H3-K4 methylation	42	9	3.26	0.00427
38	GO :0006892	post-Golgi vesicle-mediated transport	101	20	7.84	0.00432

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
39	GO :0000380	alternative mRNA splicing, via spliceosome	35	8	2.72	0.00457
40	GO :0044772	mitotic cell cycle phase transition	391	45	30.37	0.00493
41	GO :0006893	Golgi to plasma membrane transport	43	9	3.34	0.00503
42	GO :0006516	glycoprotein catabolic process	10	4	0.78	0.00519
43	GO :0071398	cellular response to fatty acid	36	8	2.80	0.00549
44	GO :0031057	negative regulation of histone modification	29	7	2.25	0.00571
45	GO :0006397	mRNA processing	394	69	30.60	0.00583
46	GO :0043984	histone H4-K16 acetylation	16	5	1.24	0.00592
47	GO :0006353	DNA-templated transcription, termination	77	13	5.98	0.00600
48	GO :0048024	regulation of mRNA splicing, via spliceosome	52	10	4.04	0.00601
49	GO :0000956	nuclear-transcribed mRNA catabolic process	172	33	13.36	0.00604
50	GO :0031124	mRNA 3'-end processing	95	19	7.38	0.00644
51	GO :0006900	membrane budding	61	11	4.74	0.00671
52	GO :0016032	viral process	665	86	51.64	0.00762
53	GO :0006744	ubiquinone biosynthetic process	11	4	0.85	0.00766
54	GO :0006449	regulation of translational termination	6	3	0.47	0.00781

Groupe 13 (effectif = 477)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0090382	phagosome maturation	45	10	0.89	1.3e-08
2	GO :0002479	antigen processing and presentation of exogenous peptide antigen via MHC class I, TAP-dependent	68	9	1.34	7.1e-06
3	GO :0042059	negative regulation of epidermal growth factor receptor signaling pathway	37	8	0.73	3.2e-05
4	GO :0034314	Arp2/3 complex-mediated actin nucleation	28	5	0.55	0.00020
5	GO :0038096	Fc-gamma receptor signaling pathway involved in phagocytosis	66	7	1.30	0.00031
6	GO :0051701	interaction with host	135	10	2.67	0.00034
7	GO :0060333	interferon-gamma-mediated signaling pathway	62	8	1.23	0.00103
8	GO :0045651	positive regulation of macrophage differentiation	11	3	0.22	0.00112
9	GO :0006521	regulation of cellular amino acid metabolic process	60	6	1.19	0.00115
10	GO :0006977	DNA damage response, signal transduction by p53 class mediator resulting in cell cycle arrest	62	6	1.23	0.00136

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
11	GO :0050860	negative regulation of T cell receptor signaling pathway	13	3	0.26	0.00188
12	GO :0031331	positive regulation of cellular catabolic process	243	16	4.80	0.00209
13	GO :0001916	positive regulation of T cell mediated cytotoxicity	14	3	0.28	0.00236
14	GO :0051437	positive regulation of ubiquitin-protein ligase activity involved in regulation of mitotic cell cycle transition	69	6	1.36	0.00237
15	GO :0046627	negative regulation of insulin receptor signaling pathway	29	4	0.57	0.00240
16	GO :0080135	regulation of cellular response to stress	434	18	8.58	0.00246
17	GO :0006665	sphingolipid metabolic process	101	9	2.00	0.00261
18	GO :0001775	cell activation	771	30	15.24	0.00268
19	GO :0048661	positive regulation of smooth muscle cell proliferation	49	5	0.97	0.00271
20	GO :0015991	ATP hydrolysis coupled proton transport	31	4	0.61	0.00308
21	GO :0050732	negative regulation of peptidyl-tyrosine phosphorylation	26	7	0.51	0.00337
22	GO :2001235	positive regulation of apoptotic signaling pathway	154	9	3.04	0.00350
23	GO :0015949	nucleobase-containing small molecule interconversion	16	3	0.32	0.00353
24	GO :0007175	negative regulation of epidermal growth factor-activated receptor activity	5	2	0.10	0.00374
25	GO :0042532	negative regulation of tyrosine phosphorylation of STAT protein	5	2	0.10	0.00374
26	GO :0033572	transferrin transport	33	4	0.65	0.00388
27	GO :0034111	negative regulation of homotypic cell-cell adhesion	78	6	1.54	0.00439
28	GO :0006470	protein dephosphorylation	161	9	3.18	0.00469
29	GO :0050852	T cell receptor signaling pathway	93	9	1.84	0.00471
30	GO :0045087	innate immune response	729	32	14.41	0.00485
31	GO :0043408	regulation of MAPK cascade	531	23	10.49	0.00522
32	GO :0043407	negative regulation of MAP kinase activity	57	5	1.13	0.00525
33	GO :0071375	cellular response to peptide hormone stimulus	291	16	5.75	0.00530
34	GO :0019216	regulation of lipid metabolic process	227	11	4.49	0.00549
35	GO :0097527	necroptotic signaling pathway	6	2	0.12	0.00554
36	GO :0046479	glycosphingolipid catabolic process	6	2	0.12	0.00554
37	GO :0036006	cellular response to macrophage colony-stimulating factor stimulus	6	2	0.12	0.00554
38	GO :0051305	chromosome movement towards spindle pole	6	2	0.12	0.00554
39	GO :0033206	meiotic cytokinesis	6	2	0.12	0.00554
40	GO :0060179	male mating behavior	6	2	0.12	0.00554
41	GO :2000045	regulation of G1/S transition of mitotic cell cycle	121	11	2.39	0.00559

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
42	GO :0060337	type I interferon signaling pathway	58	5	1.15	0.00565
43	GO :0048013	ephrin receptor signaling pathway	83	6	1.64	0.00595
44	GO :0006897	endocytosis	514	24	10.16	0.00614
45	GO :0007596	blood coagulation	476	18	9.41	0.00643
46	GO :0043085	positive regulation of catalytic activity	1201	40	23.73	0.00663
47	GO :0030833	regulation of actin filament polymerization	115	11	2.27	0.00684
48	GO :0043086	negative regulation of catalytic activity	626	30	12.37	0.00685
49	GO :0021915	neural tube development	142	8	2.81	0.00719
50	GO :2001236	regulation of extrinsic apoptotic signaling pathway	142	8	2.81	0.00719
51	GO :0055072	iron ion homeostasis	87	6	1.72	0.00746
52	GO :0036089	cleavage furrow formation	7	2	0.14	0.00765
53	GO :0032875	regulation of DNA endoreduplication	7	2	0.14	0.00765
54	GO :0015825	L-serine transport	7	2	0.14	0.00765
55	GO :0046826	negative regulation of protein export from nucleus	7	2	0.14	0.00765
56	GO :0035562	negative regulation of chromatin binding	7	2	0.14	0.00765
57	GO :0042159	lipoprotein catabolic process	7	2	0.14	0.00765
58	GO :0031348	negative regulation of defense response	115	7	2.27	0.00777
59	GO :0090263	positive regulation of canonical Wnt signaling pathway	115	7	2.27	0.00777
60	GO :0060998	regulation of dendritic spine development	40	4	0.79	0.00778
61	GO :0042554	superoxide anion generation	21	3	0.41	0.00779
62	GO :0006658	phosphatidylserine metabolic process	21	3	0.41	0.00779
63	GO :0043122	regulation of I-kappaB kinase/NF-kappaB signaling	207	10	4.09	0.00812
64	GO :0048538	thymus development	41	4	0.81	0.00849
65	GO :2001234	negative regulation of apoptotic signaling pathway	178	9	3.52	0.00889
66	GO :0060334	regulation of interferon-gamma-mediated signaling pathway	22	3	0.43	0.00889
67	GO :0034612	response to tumor necrosis factor	118	7	2.33	0.00890
68	GO :0051436	negative regulation of ubiquitin-protein ligase activity involved in mitotic cell cycle	65	5	1.28	0.00912

Groupe 14 (effectif = 186)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0031295	T cell costimulation	56	5	0.50	0.00014

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
2	GO :0043547	positive regulation of GTPase activity	385	12	3.44	0.00017
3	GO :0045061	thymic T cell selection	17	3	0.15	0.00043
4	GO :0031347	regulation of defense response	480	14	4.29	0.00078
5	GO :0032415	regulation of sodium :proton antiporter activity	5	2	0.04	0.00078
6	GO :0050776	regulation of immune response	665	20	5.95	0.00081
7	GO :0043370	regulation of CD4-positive, alpha-beta T cell differentiation	25	3	0.22	0.00139
8	GO :0050852	T cell receptor signaling pathway	93	5	0.83	0.00145
9	GO :0043065	positive regulation of apoptotic process	493	12	4.41	0.00149
10	GO :0045588	positive regulation of gamma-delta T cell differentiation	7	2	0.06	0.00162
11	GO :0002693	positive regulation of cellular extravasation	7	2	0.06	0.00162
12	GO :1903169	regulation of calcium ion transmembrane transport	58	4	0.52	0.00177
13	GO :0002456	T cell mediated immunity	58	4	0.52	0.00177
14	GO :0045123	cellular extravasation	37	5	0.33	0.00225
15	GO :0061085	regulation of histone H3-K27 methylation	9	2	0.08	0.00274
16	GO :0043113	receptor clustering	32	3	0.29	0.00286
17	GO :0072678	T cell migration	33	3	0.30	0.00313
18	GO :0043312	neutrophil degranulation	10	2	0.09	0.00340
19	GO :0007596	blood coagulation	476	11	4.26	0.00351
20	GO :0033628	regulation of cell adhesion mediated by integrin	35	3	0.31	0.00370
21	GO :0002274	myeloid leukocyte activation	129	7	1.15	0.00395
22	GO :0002335	mature B cell differentiation	12	2	0.11	0.00494
23	GO :2000651	positive regulation of sodium ion transmembrane transporter activity	12	2	0.11	0.00494
24	GO :0034113	heterotypic cell-cell adhesion	39	3	0.35	0.00504
25	GO :0035987	endodermal cell differentiation	42	3	0.38	0.00621
26	GO :0007229	integrin-mediated signaling pathway	83	4	0.74	0.00648
27	GO :0030595	leukocyte chemotaxis	132	5	1.18	0.00658
28	GO :0032753	positive regulation of interleukin-4 production	14	2	0.13	0.00673
29	GO :0034616	response to laminar fluid shear stress	14	2	0.13	0.00673
30	GO :0030029	actin filament-based process	527	11	4.71	0.00746
31	GO :0007204	positive regulation of cytosolic calcium ion concentration	192	6	1.72	0.00751
32	GO :0002366	leukocyte activation involved in immune response	149	7	1.33	0.00758
33	GO :0031589	cell-substrate adhesion	253	7	2.26	0.00759
34	GO :0045954	positive regulation of natural killer cell mediated cytotoxicity	15	2	0.13	0.00772
35	GO :0042832	defense response to protozoan	15	2	0.13	0.00772
36	GO :0050995	negative regulation of lipid catabolic process	16	2	0.14	0.00877
37	GO :0007159	leukocyte cell-cell adhesion	379	16	3.39	0.00987

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
38	GO :0021854	hypothalamus development	17	2	0.15	0.00988

Groupe 15 (effectif = 375)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0007219	Notch signaling pathway	147	9	2.24	0.00041
2	GO :0043547	positive regulation of GTPase activity	385	15	5.85	0.00080
3	GO :0000045	autophagic vacuole assembly	49	5	0.75	0.00085
4	GO :0014898	cardiac muscle hypertrophy in response to stress	13	3	0.20	0.00088
5	GO :0042060	wound healing	621	20	9.44	0.00123
6	GO :0015949	nucleobase-containing small molecule interconversion	16	3	0.24	0.00167
7	GO :0042987	amyloid precursor protein catabolic process	17	3	0.26	0.00201
8	GO :0000186	activation of MAPKK activity	60	5	0.91	0.00214
9	GO :0030913	paranodal junction assembly	5	2	0.08	0.00223
10	GO :0043406	positive regulation of MAP kinase activity	187	9	2.84	0.00224
11	GO :0045807	positive regulation of endocytosis	89	6	1.35	0.00233
12	GO :0051640	organelle localization	355	13	5.40	0.00304
13	GO :0007220	Notch receptor processing	20	3	0.30	0.00326
14	GO :0044351	macropinocytosis	6	2	0.09	0.00331
15	GO :0015677	copper ion import	6	2	0.09	0.00331
16	GO :0009414	response to water deprivation	6	2	0.09	0.00331
17	GO :0006928	movement of cell or subcellular component	1502	36	22.84	0.00355
18	GO :0007409	axonogenesis	499	16	7.59	0.00394
19	GO :0045588	positive regulation of gamma-delta T cell differentiation	7	2	0.11	0.00459
20	GO :0001911	negative regulation of leukocyte mediated cytotoxicity	7	2	0.11	0.00459
21	GO :0035562	negative regulation of chromatin binding	7	2	0.11	0.00459
22	GO :0090382	phagosome maturation	45	4	0.68	0.00474
23	GO :0045577	regulation of B cell differentiation	24	3	0.36	0.00554
24	GO :0050817	coagulation	480	15	7.30	0.00656
25	GO :0042098	T cell proliferation	145	7	2.21	0.00668
26	GO :0007599	hemostasis	481	15	7.31	0.00668
27	GO :0007265	Ras protein signal transduction	619	24	9.41	0.00689
28	GO :0030888	regulation of B cell proliferation	50	4	0.76	0.00691
29	GO :0001921	positive regulation of receptor recycling	9	2	0.14	0.00772
30	GO :0032060	bleb assembly	9	2	0.14	0.00772
31	GO :0008104	protein localization	1971	43	29.97	0.00779
32	GO :0055114	oxidation-reduction process	887	23	13.49	0.00826
33	GO :0048013	ephrin receptor signaling pathway	83	5	1.26	0.00860

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
34	GO :0051085	chaperone mediated protein folding requiring cofactor	10	2	0.15	0.00955
35	GO :0098659	inorganic cation import into cell	10	2	0.15	0.00955
36	GO :0002031	G-protein coupled receptor internalization	10	2	0.15	0.00955
37	GO :0035646	endosome to melanosome transport	10	2	0.15	0.00955

Groupe 16 (effectif = 152)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0071222	cellular response to lipopolysaccharide	123	6	0.64	4.1e-05
2	GO :0006954	inflammatory response	516	11	2.69	6.3e-05
3	GO :0051900	regulation of mitochondrial depolarization	16	3	0.08	7.2e-05
4	GO :0042060	wound healing	621	12	3.23	7.3e-05
5	GO :0030183	B cell differentiation	93	5	0.48	0.00012
6	GO :0045332	phospholipid translocation	19	3	0.10	0.00012
7	GO :0006968	cellular defense response	50	4	0.26	0.00013
8	GO :0002449	lymphocyte mediated immunity	165	6	0.86	0.00021
9	GO :0045730	respiratory burst	27	3	0.14	0.00036
10	GO :0010940	positive regulation of necrotic cell death	6	2	0.03	0.00039
11	GO :0071801	regulation of podosome assembly	7	2	0.04	0.00055
12	GO :0045628	regulation of T-helper 2 cell differentiation	8	2	0.04	0.00073
13	GO :0000185	activation of MAPKKK activity	8	2	0.04	0.00073
14	GO :0014070	response to organic cyclic compound	685	11	3.57	0.00074
15	GO :0045623	negative regulation of T-helper cell differentiation	9	2	0.05	0.00094
16	GO :0038083	peptidyl-tyrosine autophosphorylation	38	3	0.20	0.00100
17	GO :0009611	response to wounding	882	18	4.59	0.00101
18	GO :0045637	regulation of myeloid cell differentiation	151	5	0.79	0.00111
19	GO :0016477	cell migration	968	16	5.04	0.00126
20	GO :0032462	regulation of protein homooligomerization	11	2	0.06	0.00142
21	GO :2000251	positive regulation of actin cytoskeleton reorganization	11	2	0.06	0.00142
22	GO :0090382	phagosome maturation	45	3	0.23	0.00163
23	GO :0010042	response to manganese ion	12	2	0.06	0.00170
24	GO :0002521	leukocyte differentiation	383	12	1.99	0.00189
25	GO :0002274	myeloid leukocyte activation	129	6	0.67	0.00193
26	GO :0001818	negative regulation of cytokine production	171	5	0.89	0.00193
27	GO :0007035	vacuolar acidification	13	2	0.07	0.00200
28	GO :0006626	protein targeting to mitochondrion	105	4	0.55	0.00215

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
29	GO :0045624	positive regulation of T-helper cell differentiation	14	2	0.07	0.00233
30	GO :0045342	MHC class II biosynthetic process	14	2	0.07	0.00233
31	GO :0043065	positive regulation of apoptotic process	493	10	2.57	0.00242
32	GO :0045087	innate immune response	729	15	3.79	0.00247
33	GO :0030593	neutrophil chemotaxis	53	3	0.28	0.00262
34	GO :0008360	regulation of cell shape	111	4	0.58	0.00264
35	GO :0042832	defense response to protozoan	15	2	0.08	0.00268
36	GO :0070301	cellular response to hydrogen peroxide	54	3	0.28	0.00276
37	GO :0090312	positive regulation of protein deacetylation	16	2	0.08	0.00305
38	GO :0031295	T cell costimulation	56	3	0.29	0.00306
39	GO :0050663	cytokine secretion	116	4	0.60	0.00309
40	GO :0002407	dendritic cell chemotaxis	17	2	0.09	0.00345
41	GO :0048732	gland development	381	7	1.98	0.00353
42	GO :0042127	regulation of cell proliferation	1230	14	6.40	0.00374
43	GO :0034097	response to cytokine	566	12	2.95	0.00378
44	GO :0002320	lymphoid progenitor cell differentiation	18	2	0.09	0.00387
45	GO :0002902	regulation of B cell apoptotic process	18	2	0.09	0.00387
46	GO :0045746	negative regulation of Notch signaling pathway	18	2	0.09	0.00387
47	GO :0002825	regulation of T-helper 1 type immune response	18	2	0.09	0.00387
48	GO :0032880	regulation of protein localization	724	10	3.77	0.00396
49	GO :0046649	lymphocyte activation	486	14	2.53	0.00399
50	GO :0048872	homeostasis of number of cells	204	5	1.06	0.00413
51	GO :0060627	regulation of vesicle-mediated transport	327	8	1.70	0.00415
52	GO :0045089	positive regulation of innate immune response	205	5	1.07	0.00421
53	GO :0007173	epidermal growth factor receptor signaling pathway	206	5	1.07	0.00430
54	GO :0001909	leukocyte mediated cytotoxicity	64	3	0.33	0.00447
55	GO :0007265	Ras protein signal transduction	619	9	3.22	0.00452
56	GO :0002684	positive regulation of immune system process	679	16	3.53	0.00455
57	GO :0033993	response to lipid	680	14	3.54	0.00465
58	GO :0032365	intracellular lipid transport	20	2	0.10	0.00477
59	GO :0038096	Fc-gamma receptor signaling pathway involved in phagocytosis	66	3	0.34	0.00487
60	GO :0051701	interaction with host	135	4	0.70	0.00531
61	GO :2001242	regulation of intrinsic apoptotic signaling pathway	135	4	0.70	0.00531
62	GO :0006955	immune response	1174	24	6.11	0.00547
63	GO :2000108	positive regulation of leukocyte apoptotic process	22	2	0.11	0.00576
64	GO :0060334	regulation of interferon-gamma-mediated signaling pathway	22	2	0.11	0.00576

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
65	GO :0001953	negative regulation of cell-matrix adhesion	22	2	0.11	0.00576
66	GO :0071354	cellular response to interleukin-6	22	2	0.11	0.00576
67	GO :0071310	cellular response to organic substance	1683	24	8.76	0.00582
68	GO :0031334	positive regulation of protein complex assembly	141	4	0.73	0.00618
69	GO :0060421	positive regulation of heart growth	23	2	0.12	0.00629
70	GO :0032147	activation of protein kinase activity	242	7	1.26	0.00643
71	GO :0006693	prostaglandin metabolic process	24	2	0.12	0.00684
72	GO :0043304	regulation of mast cell degranulation	24	2	0.12	0.00684
73	GO :2000379	positive regulation of reactive oxygen species metabolic process	75	3	0.39	0.00695
74	GO :1902117	positive regulation of organelle assembly	25	2	0.13	0.00741
75	GO :0033363	secretory granule organization	26	2	0.14	0.00800
76	GO :1901532	regulation of hematopoietic progenitor cell differentiation	26	2	0.14	0.00800
77	GO :0002823	negative regulation of adaptive immune response based on somatic recombination of immune receptors built from immunoglobulin superfamily domains	26	2	0.14	0.00800
78	GO :1902533	positive regulation of intracellular signal transduction	713	11	3.71	0.00845
79	GO :0010165	response to X-ray	27	2	0.14	0.00861
80	GO :0043299	leukocyte degranulation	52	4	0.27	0.00872
81	GO :0007229	integrin-mediated signaling pathway	83	3	0.43	0.00919
82	GO :0045923	positive regulation of fatty acid metabolic process	28	2	0.15	0.00924
83	GO :0010638	positive regulation of organelle organization	407	10	2.12	0.00932

Groupe 17 (effectif = 686)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0032481	positive regulation of type I interferon production	78	10	2.52	0.00020
2	GO :0006369	termination of RNA polymerase II transcription	42	7	1.36	0.00036
3	GO :0007265	Ras protein signal transduction	619	36	20.03	0.00047
4	GO :0016241	regulation of macroautophagy	35	6	1.13	0.00081
5	GO :0006987	activation of signaling protein activity involved in unfolded protein response	63	8	2.04	0.00092

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
6	GO :0006367	transcription initiation from RNA polymerase II promoter	185	15	5.99	0.00100
7	GO :0006464	cellular protein modification process	2708	135	87.65	0.00107
8	GO :0043122	regulation of I-kappaB kinase/NF-kappaB signaling	207	16	6.70	0.00114
9	GO :0002474	antigen processing and presentation of peptide antigen via MHC class I	98	10	3.17	0.00125
10	GO :0043484	regulation of RNA splicing	82	9	2.65	0.00129
11	GO :1900740	positive regulation of protein insertion into mitochondrial membrane involved in apoptotic signaling pathway	26	5	0.84	0.00130
12	GO :0048011	neurotrophin TRK receptor signaling pathway	255	18	8.25	0.00163
13	GO :0034975	protein folding in endoplasmic reticulum	8	3	0.26	0.00167
14	GO :0043066	negative regulation of apoptotic process	716	38	23.17	0.00180
15	GO :0006457	protein folding	186	17	6.02	0.00182
16	GO :0031334	positive regulation of protein complex assembly	141	12	4.56	0.00208
17	GO :0030521	androgen receptor signaling pathway	56	7	1.81	0.00208
18	GO :0007405	neuroblast proliferation	42	6	1.36	0.00216
19	GO :0061418	regulation of transcription from RNA polymerase II promoter in response to hypoxia	29	5	0.94	0.00216
20	GO :0043065	positive regulation of apoptotic process	493	32	15.96	0.00223
21	GO :0050765	negative regulation of phagocytosis	9	3	0.29	0.00244
22	GO :0006983	ER overload response	9	3	0.29	0.00244
23	GO :0071786	endoplasmic reticulum tubular network organization	9	3	0.29	0.00244
24	GO :0036499	PERK-mediated unfolded protein response	9	3	0.29	0.00244
25	GO :0001921	positive regulation of receptor recycling	9	3	0.29	0.00244
26	GO :0006888	ER to Golgi vesicle-mediated transport	59	7	1.91	0.00282
27	GO :0006397	mRNA processing	394	27	12.75	0.00289
28	GO :0007623	circadian rhythm	167	13	5.41	0.00304
29	GO :0045944	positive regulation of transcription from RNA polymerase II promoter	816	45	26.41	0.00313
30	GO :0043001	Golgi to plasma membrane protein transport	32	5	1.04	0.00339
31	GO :0071236	cellular response to antibiotic	10	3	0.32	0.00341
32	GO :0043968	histone H2A acetylation	10	3	0.32	0.00341
33	GO :0006611	protein export from nucleus	46	6	1.49	0.00347
34	GO :0006605	protein targeting	549	30	17.77	0.00353
35	GO :0006886	intracellular protein transport	873	53	28.26	0.00427
36	GO :0033036	macromolecule localization	2256	112	73.02	0.00429
37	GO :0006378	mRNA polyadenylation	34	5	1.10	0.00444

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
38	GO :0098779	activation of mitophagy in response to mitochondrial depolarization	11	3	0.36	0.00457
39	GO :0016570	histone modification	342	23	11.07	0.00535
40	GO :0016197	endosomal transport	200	14	6.47	0.00556
41	GO :0008543	fibroblast growth factor receptor signaling pathway	165	14	5.34	0.00561
42	GO :0046931	pore complex assembly	12	3	0.39	0.00595
43	GO :0045087	innate immune response	729	38	23.59	0.00626
44	GO :0051437	positive regulation of ubiquitin-protein ligase activity involved in regulation of mitotic cell cycle transition	69	7	2.23	0.00678
45	GO :0030099	myeloid cell differentiation	293	18	9.48	0.00705
46	GO :0051056	regulation of small GTPase mediated signal transduction	504	27	16.31	0.00715
47	GO :0010638	positive regulation of organelle organization	407	29	13.17	0.00755
48	GO :0032968	positive regulation of transcription elongation from RNA polymerase II promoter	13	3	0.42	0.00756
49	GO :0010977	negative regulation of neuron projection development	88	8	2.85	0.00756
50	GO :0001666	response to hypoxia	239	19	7.74	0.00774
51	GO :0051444	negative regulation of ubiquitin-protein transferase activity	71	7	2.30	0.00791
52	GO :1902580	single-organism cellular localization	990	53	32.04	0.00809
53	GO :0097193	intrinsic apoptotic signaling pathway	255	16	8.25	0.00887
54	GO :0021543	pallium development	129	10	4.18	0.00909
55	GO :0070979	protein K11-linked ubiquitination	26	4	0.84	0.00919
56	GO :0090311	regulation of protein deacetylation	26	4	0.84	0.00919
57	GO :1903020	positive regulation of glycoprotein metabolic process	14	3	0.45	0.00939
58	GO :2001233	regulation of apoptotic signaling pathway	331	23	10.71	0.00944
59	GO :1903912	negative regulation of endoplasmic reticulum stress-induced eIF2 alpha phosphorylation	5	2	0.16	0.00979
60	GO :0030579	ubiquitin-dependent SMAD protein catabolic process	5	2	0.16	0.00979
61	GO :1900125	regulation of hyaluronan biosynthetic process	5	2	0.16	0.00979
62	GO :0061197	fungiform papilla morphogenesis	5	2	0.16	0.00979
63	GO :0007175	negative regulation of epidermal growth factor-activated receptor activity	5	2	0.16	0.00979
64	GO :0007221	positive regulation of transcription of Notch receptor target	5	2	0.16	0.00979
65	GO :0042532	negative regulation of tyrosine phosphorylation of STAT protein	5	2	0.16	0.00979
66	GO :0035771	interleukin-4-mediated signaling pathway	5	2	0.16	0.00979

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
67	GO :0045743	positive regulation of fibroblast growth factor receptor signaling pathway	5	2	0.16	0.00979
68	GO :0060339	negative regulation of type I interferon-mediated signaling pathway	5	2	0.16	0.00979

Groupe 18 (effectif = 1461)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0000184	nuclear-transcribed mRNA catabolic process, nonsense-mediated decay	111	27	8.30	3.0e-08
2	GO :0006614	SRP-dependent cotranslational protein targeting to membrane	103	24	7.70	4.1e-07
3	GO :0019083	viral transcription	167	31	12.48	1.9e-06
4	GO :0090503	RNA phosphodiester bond hydrolysis, exonucleolytic	27	10	2.02	1.3e-05
5	GO :0006415	translational termination	153	26	11.43	6.2e-05
6	GO :0006414	translational elongation	176	28	13.15	0.00011
7	GO :0010606	positive regulation of cytoplasmic mRNA processing body assembly	5	4	0.37	0.00015
8	GO :0006413	translational initiation	232	33	17.34	0.00025
9	GO :0000289	nuclear-transcribed mRNA poly(A) tail shortening	31	9	2.32	0.00031
10	GO :0007032	endosome organization	31	9	2.32	0.00031
11	GO :0016570	histone modification	342	42	25.56	0.00096
12	GO :0016567	protein ubiquitination	603	66	45.06	0.00102
13	GO :0008033	tRNA processing	91	16	6.80	0.00106
14	GO :0048193	Golgi vesicle transport	208	28	15.54	0.00170
15	GO :0006984	ER-nucleus signaling pathway	26	7	1.94	0.00237
16	GO :0016559	peroxisome fission	9	4	0.67	0.00288
17	GO :0048013	ephrin receptor signaling pathway	83	14	6.20	0.00317
18	GO :0042921	glucocorticoid receptor signaling pathway	15	5	1.12	0.00368
19	GO :0097052	L-kynurenine metabolic process	5	3	0.37	0.00371
20	GO :0032876	negative regulation of DNA endoreplication	5	3	0.37	0.00371
21	GO :0018279	protein N-linked glycosylation via asparagine	104	16	7.77	0.00434
22	GO :0006886	intracellular protein transport	873	100	65.24	0.00449
23	GO :0006511	ubiquitin-dependent protein catabolic process	450	54	33.63	0.00476
24	GO :0006412	translation	494	64	36.92	0.00478
25	GO :0010629	negative regulation of gene expression	1066	102	79.67	0.00488
26	GO :0009451	RNA modification	87	14	6.50	0.00492
27	GO :0006103	2-oxoglutarate metabolic process	16	5	1.20	0.00502

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
28	GO :0032436	positive regulation of proteasomal ubiquitin-dependent protein catabolic process	53	10	3.96	0.00528
29	GO :0006355	regulation of transcription, DNA-templated	2567	223	191.84	0.00538
30	GO :0016579	protein deubiquitination	79	13	5.90	0.00544
31	GO :0009225	nucleotide-sugar metabolic process	30	7	2.24	0.00565
32	GO :0060049	regulation of protein glycosylation	11	4	0.82	0.00668
33	GO :0043623	cellular protein complex assembly	391	43	29.22	0.00672
34	GO :0016072	rRNA metabolic process	131	21	9.79	0.00693
35	GO :0043320	natural killer cell degranulation	6	3	0.45	0.00701
36	GO :0031125	rRNA 3'-end processing	6	3	0.45	0.00701
37	GO :0034088	maintenance of mitotic sister chromatid cohesion	6	3	0.45	0.00701
38	GO :0022618	ribonucleoprotein complex assembly	144	23	10.76	0.00717
39	GO :0016482	cytoplasmic transport	925	103	69.13	0.00742
40	GO :0043414	macromolecule methylation	200	25	14.95	0.00765
41	GO :0006366	transcription from RNA polymerase II promoter	1534	139	114.64	0.00766
42	GO :0046854	phosphatidylinositol phosphorylation	32	7	2.39	0.00820
43	GO :0015936	coenzyme A metabolic process	18	5	1.35	0.00869
44	GO :0034470	ncRNA processing	246	39	18.38	0.00876

Groupe 19 (effectif = 56)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0051607	defense response to virus	167	6	0.24	9.3e-08
2	GO :0035457	cellular response to interferon-alpha	9	3	0.01	2.2e-07
3	GO :0060337	type I interferon signaling pathway	58	4	0.08	1.3e-06
4	GO :0060333	interferon-gamma-mediated signaling pathway	62	3	0.09	9.4e-05
5	GO :1902043	positive regulation of extrinsic apoptotic signaling pathway via death domain receptors	13	2	0.02	0.00016
6	GO :0055072	iron ion homeostasis	87	3	0.13	0.00026
7	GO :0042981	regulation of apoptotic process	1169	9	1.71	0.00028
8	GO :0042542	response to hydrogen peroxide	97	3	0.14	0.00036
9	GO :0048147	negative regulation of fibroblast proliferation	25	2	0.04	0.00060
10	GO :0048662	negative regulation of smooth muscle cell proliferation	26	2	0.04	0.00064
11	GO :0001937	negative regulation of endothelial cell proliferation	30	2	0.04	0.00086
12	GO :0031670	cellular response to nutrient	35	2	0.05	0.00117
13	GO :0043525	positive regulation of neuron apoptotic process	45	2	0.07	0.00193

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
14	GO :0070059	intrinsic apoptotic signaling pathway in response to endoplasmic reticulum stress	47	2	0.07	0.00210
15	GO :0048661	positive regulation of smooth muscle cell proliferation	49	2	0.07	0.00228
16	GO :0043331	response to dsRNA	53	2	0.08	0.00267
17	GO :0034103	regulation of tissue remodeling	53	2	0.08	0.00267
18	GO :0016525	negative regulation of angiogenesis	58	2	0.08	0.00319
19	GO :0034605	cellular response to heat	63	2	0.09	0.00375
20	GO :0050727	regulation of inflammatory response	233	3	0.34	0.00444
21	GO :0048525	negative regulation of viral process	71	2	0.10	0.00474
22	GO :0001666	response to hypoxia	239	3	0.35	0.00477
23	GO :0002698	negative regulation of immune effector process	77	2	0.11	0.00555
24	GO :0072091	regulation of stem cell proliferation	87	2	0.13	0.00703
25	GO :0010917	negative regulation of mitochondrial membrane potential	5	1	0.01	0.00730
26	GO :0001866	NK T cell proliferation	5	1	0.01	0.00730
27	GO :0042167	heme catabolic process	5	1	0.01	0.00730
28	GO :0006927	transformed cell apoptotic process	5	1	0.01	0.00730
29	GO :0032819	positive regulation of natural killer cell proliferation	5	1	0.01	0.00730
30	GO :0071281	cellular response to iron ion	5	1	0.01	0.00730
31	GO :0072162	metanephric mesenchymal cell differentiation	5	1	0.01	0.00730
32	GO :0045766	positive regulation of angiogenesis	90	2	0.13	0.00751
33	GO :0008630	intrinsic apoptotic signaling pathway in response to DNA damage	93	2	0.14	0.00800
34	GO :0050777	negative regulation of immune response	94	2	0.14	0.00817
35	GO :0032762	mast cell cytokine production	6	1	0.01	0.00875
36	GO :0002246	wound healing involved in inflammatory response	6	1	0.01	0.00875
37	GO :0014732	skeletal muscle atrophy	6	1	0.01	0.00875

Groupe 20 (effectif = 1020)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0006120	mitochondrial electron transport, NADH to ubiquinone	47	13	2.09	7.9e-08
2	GO :0002479	antigen processing and presentation of exogenous peptide antigen via MHC class I, TAP-dependent	68	14	3.02	1.3e-06
3	GO :0006103	2-oxoglutarate metabolic process	16	7	0.71	2.6e-06
4	GO :0006465	signal peptide processing	8	5	0.36	8.5e-06
5	GO :0006521	regulation of cellular amino acid metabolic process	60	12	2.66	1.0e-05
6	GO :0006099	tricarboxylic acid cycle	26	8	1.15	1.1e-05

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
7	GO :0006977	DNA damage response, signal transduction by p53 class mediator resulting in cell cycle arrest	62	12	2.75	1.5e-05
8	GO :0030970	retrograde protein transport, ER to cytosol	5	4	0.22	1.9e-05
9	GO :0000209	protein polyubiquitination	184	22	8.17	2.2e-05
10	GO :0016032	viral process	665	53	29.53	2.3e-05
11	GO :0070125	mitochondrial translational elongation	68	12	3.02	3.9e-05
12	GO :0070126	mitochondrial translational termination	69	12	3.06	4.5e-05
13	GO :0051437	positive regulation of ubiquitin-protein ligase activity involved in regulation of mitotic cell cycle transition	69	12	3.06	4.5e-05
14	GO :0090263	positive regulation of canonical Wnt signaling pathway	115	16	5.11	4.6e-05
15	GO :0006412	translation	494	54	21.93	5.3e-05
16	GO :0006622	protein targeting to lysosome	11	5	0.49	6.3e-05
17	GO :0051436	negative regulation of ubiquitin-protein ligase activity involved in mitotic cell cycle	65	11	2.89	0.00012
18	GO :0070124	mitochondrial translational initiation	69	11	3.06	0.00021
19	GO :0007030	Golgi organization	70	11	3.11	0.00024
20	GO :0048490	anterograde synaptic vesicle transport	15	5	0.67	0.00035
21	GO :0000387	spliceosomal snRNP assembly	33	7	1.47	0.00051
22	GO :0006353	DNA-templated transcription, termination	77	11	3.42	0.00056
23	GO :0022904	respiratory electron transport chain	114	23	5.06	0.00059
24	GO :0030433	ER-associated ubiquitin-dependent protein catabolic process	44	8	1.95	0.00062
25	GO :0015031	protein transport	1531	108	67.98	0.00064
26	GO :0060213	positive regulation of nuclear-transcribed mRNA poly(A) tail shortening	10	4	0.44	0.00065
27	GO :0000398	mRNA splicing, via spliceosome	222	27	9.86	0.00115
28	GO :0019884	antigen processing and presentation of exogenous antigen	141	24	6.26	0.00117
29	GO :0006890	retrograde vesicle-mediated transport, Golgi to ER	28	6	1.24	0.00122
30	GO :0031145	anaphase-promoting complex-dependent proteasomal ubiquitin-dependent protein catabolic process	111	13	4.93	0.00126
31	GO :0045046	protein import into peroxisome membrane	6	3	0.27	0.00157
32	GO :0006011	UDP-glucose metabolic process	6	3	0.27	0.00157
33	GO :0006538	glutamate catabolic process	6	3	0.27	0.00157
34	GO :0060789	hair follicle placode formation	6	3	0.27	0.00157
35	GO :0006614	SRP-dependent cotranslational protein targeting to membrane	103	12	4.57	0.00200

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
36	GO :0032438	melanosome organization	22	5	0.98	0.00238
37	GO :0048193	Golgi vesicle transport	208	23	9.24	0.00248
38	GO :0090090	negative regulation of canonical Wnt signaling pathway	135	14	5.99	0.00268
39	GO :0043457	regulation of cellular respiration	14	4	0.62	0.00269
40	GO :0008089	anterograde axon cargo transport	23	5	1.02	0.00293
41	GO :0034660	ncRNA metabolic process	363	28	16.12	0.00320
42	GO :0000245	spliceosomal complex assembly	45	7	2.00	0.00342
43	GO :0006378	mRNA polyadenylation	34	6	1.51	0.00347

Groupe 21 (effectif = 489)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0022904	respiratory electron transport chain	114	15	2.41	9.2e-06
2	GO :0006120	mitochondrial electron transport, NADH to ubiquinone	47	6	0.99	0.00044
3	GO :0006353	DNA-templated transcription, ter- mination	77	7	1.63	0.00119
4	GO :0002438	acute inflammatory response to an- tigenic stimulus	12	3	0.25	0.00178
5	GO :0061077	chaperone-mediated protein folding	42	5	0.89	0.00183
6	GO :0005979	regulation of glycogen biosynthetic process	28	4	0.59	0.00268
7	GO :0072160	nephron tubule epithelial cell diffe- rentiation	14	3	0.30	0.00286
8	GO :0051534	negative regulation of NFAT protein import into nucleus	5	2	0.11	0.00427
9	GO :1902176	negative regulation of oxidative stress-induced intrinsic apoptotic si- gnaling pathway	18	3	0.38	0.00603
10	GO :0090181	regulation of cholesterol metabolic process	18	3	0.38	0.00603
11	GO :2000270	negative regulation of fibroblast apoptotic process	6	2	0.13	0.00632
12	GO :0072567	chemokine (C-X-C motif) ligand 2 production	6	2	0.13	0.00632
13	GO :0050853	B cell receptor signaling pathway	37	4	0.78	0.00746
14	GO :0002792	negative regulation of peptide secre- tion	38	4	0.80	0.00820
15	GO :2000425	regulation of apoptotic cell clea- rance	7	2	0.15	0.00872
16	GO :2000109	regulation of macrophage apoptotic process	7	2	0.15	0.00872
17	GO :0071481	cellular response to X-ray	7	2	0.15	0.00872
18	GO :0031929	TOR signaling	61	5	1.29	0.00923

Groupe 22 (effectif = 167)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0051607	defense response to virus	167	14	1.11	4.1e-12
2	GO :0045071	negative regulation of viral genome replication	37	5	0.25	4.3e-06
3	GO :0060397	JAK-STAT cascade involved in growth hormone signaling pathway	22	4	0.15	1.2e-05
4	GO :0045824	negative regulation of innate immune response	26	4	0.17	2.5e-05
5	GO :0060338	regulation of type I interferon-mediated signaling pathway	28	4	0.19	3.3e-05
6	GO :0060337	type I interferon signaling pathway	58	8	0.39	3.7e-05
7	GO :0035456	response to interferon-beta	13	3	0.09	7.8e-05
8	GO :0030168	platelet activation	219	8	1.46	0.00010
9	GO :0050727	regulation of inflammatory response	233	8	1.55	0.00016
10	GO :0035455	response to interferon-alpha	17	3	0.11	0.00018
11	GO :0031663	lipopolysaccharide-mediated signaling pathway	45	4	0.30	0.00022
12	GO :0060334	regulation of interferon-gamma-mediated signaling pathway	22	3	0.15	0.00040
13	GO :0043331	response to dsRNA	53	4	0.35	0.00042
14	GO :0060368	regulation of Fc receptor mediated stimulatory signaling pathway	5	2	0.03	0.00043
15	GO :0050861	positive regulation of B cell receptor signaling pathway	5	2	0.03	0.00043
16	GO :0030162	regulation of proteolysis	557	11	3.71	0.00113
17	GO :0032740	positive regulation of interleukin-17 production	10	2	0.07	0.00191
18	GO :0046719	regulation by virus of viral protein levels in host cell	10	2	0.07	0.00191
19	GO :0038083	peptidyl-tyrosine autophosphorylation	38	3	0.25	0.00204
20	GO :0002576	platelet degranulation	81	4	0.54	0.00207
21	GO :0048008	platelet-derived growth factor receptor signaling pathway	44	3	0.29	0.00311
22	GO :0031349	positive regulation of defense response	273	9	1.82	0.00349
23	GO :0042531	positive regulation of tyrosine phosphorylation of STAT protein	47	3	0.31	0.00375
24	GO :0007249	I-kappaB kinase/NF-kappaB signaling	229	6	1.53	0.00421
25	GO :0002831	regulation of response to biotic stimulus	100	4	0.67	0.00443
26	GO :0050867	positive regulation of cell activation	236	6	1.57	0.00488
27	GO :0061041	regulation of wound healing	103	4	0.69	0.00493
28	GO :0060251	regulation of glial cell proliferation	16	2	0.11	0.00496
29	GO :0034142	toll-like receptor 4 signaling pathway	104	4	0.69	0.00510
30	GO :0050778	positive regulation of immune response	462	13	3.08	0.00523

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
31	GO :0070665	positive regulation of leukocyte proliferation	108	4	0.72	0.00582
32	GO :0051092	positive regulation of NF-kappaB transcription factor activity	110	4	0.73	0.00621
33	GO :0046597	negative regulation of viral entry into host cell	18	2	0.12	0.00627
34	GO :0002697	regulation of immune effector process	251	6	1.67	0.00655
35	GO :0010659	cardiac muscle cell apoptotic process	19	2	0.13	0.00698
36	GO :0070304	positive regulation of stress-activated protein kinase signaling cascade	114	4	0.76	0.00704
37	GO :0051701	interaction with host	135	6	0.90	0.00710
38	GO :0042770	signal transduction in response to DNA damage	117	4	0.78	0.00770
39	GO :0034122	negative regulation of toll-like receptor signaling pathway	20	2	0.13	0.00772

Groupe 23 (effectif = 455)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0008333	endosome to lysosome transport	30	4	0.55	0.0020
2	GO :0007202	activation of phospholipase C activity	51	5	0.93	0.0023
3	GO :0046856	phosphatidylinositol dephosphorylation	16	3	0.29	0.0028
4	GO :0018196	peptidyl-asparagine modification	105	7	1.91	0.0030
5	GO :0000959	mitochondrial RNA metabolic process	18	3	0.33	0.0040
6	GO :0045110	intermediate filament bundle assembly	6	2	0.11	0.0047
7	GO :0006661	phosphatidylinositol biosynthetic process	87	6	1.58	0.0051
8	GO :0042992	negative regulation of transcription factor import into nucleus	41	4	0.75	0.0064
9	GO :0071320	cellular response to cAMP	41	4	0.75	0.0064
10	GO :0050909	sensory perception of taste	22	3	0.40	0.0071
11	GO :0009164	nucleoside catabolic process	23	3	0.42	0.0081
12	GO :0048311	mitochondrion distribution	8	2	0.15	0.0086
13	GO :0006206	pyrimidine nucleobase metabolic process	24	3	0.44	0.0091

Groupe 24 (effectif = 99)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0060333	interferon-gamma-mediated signaling pathway	62	4	0.17	2.4e-05
2	GO :0051607	defense response to virus	167	5	0.46	8.8e-05
3	GO :0042542	response to hydrogen peroxide	97	4	0.27	0.00014
4	GO :0051084	'de novo' posttranslational protein folding	45	3	0.12	0.00025
5	GO :0043524	negative regulation of neuron apoptotic process	122	4	0.34	0.00034
6	GO :0002699	positive regulation of immune effector process	123	4	0.34	0.00035
7	GO :0051131	chaperone-mediated protein complex assembly	15	2	0.04	0.00076
8	GO :0032647	regulation of interferon-alpha production	17	2	0.05	0.00098
9	GO :1990267	response to transition metal nanoparticle	100	5	0.28	0.00103
10	GO :0042026	protein refolding	20	2	0.06	0.00137
11	GO :0030324	lung development	177	4	0.49	0.00137
12	GO :0002833	positive regulation of response to biotic stimulus	21	2	0.06	0.00151
13	GO :0010039	response to iron ion	23	2	0.06	0.00181
14	GO :0042036	negative regulation of cytokine biosynthetic process	24	2	0.07	0.00197
15	GO :0048730	epidermis morphogenesis	25	2	0.07	0.00214
16	GO :0045089	positive regulation of innate immune response	205	4	0.57	0.00235
17	GO :0042110	T cell activation	344	5	0.95	0.00238
18	GO :0007339	binding of sperm to zona pellucida	29	2	0.08	0.00287
19	GO :0009408	response to heat	104	3	0.29	0.00291
20	GO :0035094	response to nicotine	33	2	0.09	0.00371
21	GO :0046456	icosanoid biosynthetic process	35	2	0.10	0.00417
22	GO :0002703	regulation of leukocyte mediated immunity	121	3	0.33	0.00445
23	GO :0009725	response to hormone	773	7	2.14	0.00456
24	GO :1901998	toxin transport	37	2	0.10	0.00465
25	GO :0043901	negative regulation of multi-organism process	123	3	0.34	0.00466
26	GO :0032480	negative regulation of type I interferon production	39	2	0.11	0.00516
27	GO :0019369	arachidonic acid metabolic process	40	2	0.11	0.00542
28	GO :0006636	unsaturated fatty acid biosynthetic process	42	2	0.12	0.00596
29	GO :0061077	chaperone-mediated protein folding	42	2	0.12	0.00596
30	GO :0006986	response to unfolded protein	136	3	0.38	0.00616
31	GO :0042116	macrophage activation	43	2	0.12	0.00624
32	GO :0032729	positive regulation of interferon-gamma production	45	2	0.12	0.00682
33	GO :1903900	regulation of viral life cycle	149	3	0.41	0.00793

Groupe 25 (effectif = 233)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0060333	interferon-gamma-mediated signaling pathway	62	10	0.72	2.9e-07
2	GO :0051607	defense response to virus	167	10	1.94	2.5e-05
3	GO :1902187	negative regulation of viral release from host cell	16	4	0.19	2.9e-05
4	GO :0032480	negative regulation of type I interferon production	39	5	0.45	8.3e-05
5	GO :0060338	regulation of type I interferon-mediated signaling pathway	28	4	0.33	0.00029
6	GO :0060337	type I interferon signaling pathway	58	8	0.67	0.00034
7	GO :0002221	pattern recognition receptor signaling pathway	164	10	1.91	0.00042
8	GO :0016197	endosomal transport	200	9	2.33	0.00054
9	GO :0006357	regulation of transcription from RNA polymerase II promoter	1395	30	16.22	0.00060
10	GO :0016567	protein ubiquitination	603	17	7.01	0.00063
11	GO :0046597	negative regulation of viral entry into host cell	18	3	0.21	0.00111
12	GO :0038161	prolactin signaling pathway	5	2	0.06	0.00131
13	GO :0051091	positive regulation of sequence-specific DNA binding transcription factor activity	190	8	2.21	0.00169
14	GO :0031663	lipopolysaccharide-mediated signaling pathway	45	4	0.52	0.00180
15	GO :0060318	definitive erythrocyte differentiation	6	2	0.07	0.00195
16	GO :0060397	JAK-STAT cascade involved in growth hormone signaling pathway	22	3	0.26	0.00202
17	GO :0060334	regulation of interferon-gamma-mediated signaling pathway	22	3	0.26	0.00202
18	GO :0032481	positive regulation of type I interferon production	78	5	0.91	0.00212
19	GO :0030522	intracellular receptor signaling pathway	247	9	2.87	0.00237
20	GO :0060136	embryonic process involved in female pregnancy	7	2	0.08	0.00271
21	GO :0009191	ribonucleoside diphosphate catabolic process	7	2	0.08	0.00271
22	GO :0001961	positive regulation of cytokine-mediated signaling pathway	26	3	0.30	0.00329
23	GO :0045824	negative regulation of innate immune response	26	3	0.30	0.00329
24	GO :0090557	establishment of endothelial intestinal barrier	8	2	0.09	0.00359
25	GO :0043330	response to exogenous dsRNA	30	3	0.35	0.00497
26	GO :0032787	monocarboxylic acid metabolic process	439	12	5.11	0.00514

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
27	GO :0051603	proteolysis involved in cellular protein catabolic process	500	13	5.81	0.00550
28	GO :1900102	negative regulation of endoplasmic reticulum unfolded protein response	10	2	0.12	0.00568
29	GO :0000042	protein targeting to Golgi	10	2	0.12	0.00568
30	GO :0043923	positive regulation by host of viral transcription	10	2	0.12	0.00568
31	GO :0070935	3'-UTR-mediated mRNA stabilization	10	2	0.12	0.00568
32	GO :0031325	positive regulation of cellular metabolic process	2246	40	26.12	0.00634
33	GO :0006622	protein targeting to lysosome	11	2	0.13	0.00690
34	GO :0045646	regulation of erythrocyte differentiation	34	3	0.40	0.00708
35	GO :0034142	toll-like receptor 4 signaling pathway	104	5	1.21	0.00726
36	GO :0010604	positive regulation of macromolecule metabolic process	2122	38	24.68	0.00769
37	GO :0097067	cellular response to thyroid hormone stimulus	12	2	0.14	0.00821

Groupe 26 (effectif = 44)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0032496	response to lipopolysaccharide	245	7	0.42	2.4e-05
2	GO :0070424	regulation of nucleotide-binding oligomerization domain containing signaling pathway	5	2	0.01	2.8e-05
3	GO :0038061	NIK/NF-kappaB signaling	40	3	0.07	4.1e-05
4	GO :0031665	negative regulation of lipopolysaccharide-mediated signaling pathway	8	2	0.01	7.7e-05
5	GO :0060670	branching involved in labyrinthine layer morphogenesis	11	2	0.02	0.00015
6	GO :0060707	trophoblast giant cell differentiation	12	2	0.02	0.00018
7	GO :0050728	negative regulation of inflammatory response	87	4	0.15	0.00030
8	GO :0034138	toll-like receptor 3 signaling pathway	83	3	0.14	0.00036
9	GO :0014009	glial cell proliferation	21	2	0.04	0.00057
10	GO :0034142	toll-like receptor 4 signaling pathway	104	3	0.18	0.00070
11	GO :0042981	regulation of apoptotic process	1169	11	2.00	0.00109
12	GO :0051384	response to glucocorticoid	124	3	0.21	0.00117
13	GO :0050869	negative regulation of B cell activation	30	2	0.05	0.00117
14	GO :0043065	positive regulation of apoptotic process	493	5	0.84	0.00121
15	GO :0007165	signal transduction	4280	18	7.31	0.00177

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
16	GO :0001819	positive regulation of cytokine production	314	4	0.54	0.00177
17	GO :0032663	regulation of interleukin-2 production	44	2	0.08	0.00252
18	GO :0006469	negative regulation of protein kinase activity	168	3	0.29	0.00278
19	GO :0002460	adaptive immune response based on somatic recombination of immune receptors built from immunoglobulin superfamily domains	170	3	0.29	0.00287
20	GO :0016567	protein ubiquitination	603	5	1.03	0.00295
21	GO :0043434	response to peptide hormone	382	4	0.65	0.00361
22	GO :0070664	negative regulation of leukocyte proliferation	58	2	0.10	0.00433
23	GO :0045732	positive regulation of protein catabolic process	199	3	0.34	0.00448
24	GO :0006952	defense response	1224	11	2.09	0.00492
25	GO :0043122	regulation of I-kappaB kinase/NF-kappaB signaling	207	3	0.35	0.00500
26	GO :0006955	immune response	1174	10	2.00	0.00519
27	GO :0034146	toll-like receptor 5 signaling pathway	64	2	0.11	0.00525
28	GO :0031100	organ regeneration	67	2	0.11	0.00574
29	GO :1902533	positive regulation of intracellular signal transduction	713	5	1.22	0.00604
30	GO :0045621	positive regulation of lymphocyte differentiation	71	2	0.12	0.00643
31	GO :0002676	regulation of chronic inflammatory response	9	2	0.02	0.00649
32	GO :0009893	positive regulation of metabolic process	2772	12	4.73	0.00650
33	GO :0007568	aging	228	3	0.39	0.00654
34	GO :0050688	regulation of defense response to virus	73	2	0.12	0.00679
35	GO :0035666	TRIF-dependent toll-like receptor signaling pathway	75	2	0.13	0.00715
36	GO :0001666	response to hypoxia	239	3	0.41	0.00744
37	GO :0098902	regulation of membrane depolarization during action potential	5	1	0.01	0.00851
38	GO :1900125	regulation of hyaluronan biosynthetic process	5	1	0.01	0.00851
39	GO :0002439	chronic inflammatory response to antigenic stimulus	5	1	0.01	0.00851
40	GO :2000347	positive regulation of hepatocyte proliferation	5	1	0.01	0.00851
41	GO :0002158	osteoclast proliferation	5	1	0.01	0.00851
42	GO :0060558	regulation of calcidiol 1-monooxygenase activity	5	1	0.01	0.00851
43	GO :0042940	D-amino acid transport	5	1	0.01	0.00851
44	GO :0002677	negative regulation of chronic inflammatory response	5	1	0.01	0.00851
45	GO :0032713	negative regulation of interleukin-4 production	5	1	0.01	0.00851

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
46	GO :1901029	negative regulation of mitochondrial outer membrane permeabilization involved in apoptotic signaling pathway	5	1	0.01	0.00851
47	GO :0023035	CD40 signaling pathway	5	1	0.01	0.00851
48	GO :0034135	regulation of toll-like receptor 2 signaling pathway	5	1	0.01	0.00851
49	GO :0070842	aggresome assembly	5	1	0.01	0.00851

Groupe 27 (effectif = 119)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0048583	regulation of response to stimulus	2885	31	16.19	0.00049
2	GO :0032656	regulation of interleukin-13 production	9	2	0.05	0.00109
3	GO :0036035	osteoclast development	11	2	0.06	0.00165
4	GO :0032674	regulation of interleukin-5 production	12	2	0.07	0.00197
5	GO :0007041	lysosomal transport	45	3	0.25	0.00203
6	GO :0032799	low-density lipoprotein receptor particle metabolic process	14	2	0.08	0.00270
7	GO :0032091	negative regulation of protein binding	56	3	0.31	0.00379
8	GO :0016337	single organismal cell-cell adhesion	579	9	3.25	0.00486
9	GO :0051043	regulation of membrane protein ectodomain proteolysis	20	2	0.11	0.00552
10	GO :1903035	negative regulation of response to wounding	135	4	0.76	0.00692
11	GO :0007568	aging	228	5	1.28	0.00901
12	GO :0007165	signal transduction	4280	34	24.02	0.00915
13	GO :0060627	regulation of vesicle-mediated transport	327	6	1.83	0.00993
14	GO :0045124	regulation of bone resorption	27	2	0.15	0.00995

Groupe 28 (effectif = 156)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0006954	inflammatory response	516	14	3.15	9.7e-05
2	GO :0002576	platelet degranulation	81	5	0.49	0.00013
3	GO :0007194	negative regulation of adenylate cyclase activity	18	3	0.11	0.00017
4	GO :0007155	cell adhesion	1152	17	7.03	0.00046
5	GO :0051764	actin crosslink formation	7	2	0.04	0.00076
6	GO :0071499	cellular response to laminar fluid shear stress	7	2	0.04	0.00076
7	GO :0043277	apoptotic cell clearance	30	3	0.18	0.00079
8	GO :0000050	urea cycle	8	2	0.05	0.00100

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
9	GO :0050766	positive regulation of phagocytosis	36	3	0.22	0.00135
10	GO :0060541	respiratory system development	202	6	1.23	0.00143
11	GO :0019221	cytokine-mediated signaling pathway	357	8	2.18	0.00145
12	GO :0032722	positive regulation of chemokine production	38	3	0.23	0.00158
13	GO :0019748	secondary metabolic process	38	3	0.23	0.00158
14	GO :0042535	positive regulation of tumor necrosis factor biosynthetic process	10	2	0.06	0.00160
15	GO :0030157	pancreatic juice secretion	10	2	0.06	0.00160
16	GO :0001774	microglial cell activation	10	2	0.06	0.00160
17	GO :0006953	acute-phase response	39	3	0.24	0.00170
18	GO :0090026	positive regulation of monocyte chemotaxis	11	2	0.07	0.00195
19	GO :0030168	platelet activation	219	6	1.34	0.00216
20	GO :0034341	response to interferon-gamma	100	4	0.61	0.00322
21	GO :0009084	glutamine family amino acid biosynthetic process	15	2	0.09	0.00366
22	GO :2000144	positive regulation of DNA-templated transcription, initiation	16	2	0.10	0.00417
23	GO :0008360	regulation of cell shape	111	4	0.68	0.00467
24	GO :0048246	macrophage chemotaxis	18	2	0.11	0.00527
25	GO :0048668	collateral sprouting	18	2	0.11	0.00527
26	GO :0002828	regulation of type 2 immune response	20	2	0.12	0.00650
27	GO :0046849	bone remodeling	64	3	0.39	0.00695
28	GO :0036336	dendritic cell migration	21	2	0.13	0.00715
29	GO :0045087	innate immune response	729	14	4.45	0.00721
30	GO :0006541	glutamine metabolic process	22	2	0.13	0.00783
31	GO :0006874	cellular calcium ion homeostasis	288	6	1.76	0.00817
32	GO :0051241	negative regulation of multicellular organismal process	799	11	4.87	0.00876
33	GO :0018149	peptide cross-linking	24	2	0.15	0.00929
34	GO :0030318	melanocyte differentiation	24	2	0.15	0.00929
35	GO :1901021	positive regulation of calcium ion transmembrane transporter activity	24	2	0.15	0.00929
36	GO :0010035	response to inorganic substance	390	7	2.38	0.00953
37	GO :0010770	positive regulation of cell morphogenesis involved in differentiation	137	4	0.84	0.00974

Groupe 29 (effectif = 103)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0050900	leukocyte migration	286	7	1.19	0.00016
2	GO :0032610	interleukin-1 alpha production	5	2	0.02	0.00017
3	GO :0006687	glycosphingolipid metabolic process	44	5	0.18	0.00033
4	GO :0032570	response to progesterone	35	3	0.15	0.00040
5	GO :0006954	inflammatory response	516	12	2.14	0.00060
6	GO :0001573	ganglioside metabolic process	10	2	0.04	0.00074

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
7	GO :0044712	single-organism catabolic process	883	11	3.66	0.00082
8	GO :0006012	galactose metabolic process	11	2	0.05	0.00091
9	GO :0097067	cellular response to thyroid hormone stimulus	12	2	0.05	0.00108
10	GO :0008360	regulation of cell shape	111	4	0.46	0.00113
11	GO :0022617	extracellular matrix disassembly	111	4	0.46	0.00113
12	GO :0031269	pseudopodium assembly	13	2	0.05	0.00128
13	GO :0019915	lipid storage	52	3	0.22	0.00129
14	GO :0003085	negative regulation of systemic arterial blood pressure	14	2	0.06	0.00149
15	GO :2000145	regulation of cell motility	537	8	2.23	0.00152
16	GO :0090136	epithelial cell-cell adhesion	15	2	0.06	0.00171
17	GO :0050718	positive regulation of interleukin-1 beta secretion	16	2	0.07	0.00195
18	GO :0048771	tissue remodeling	130	4	0.54	0.00203
19	GO :0007597	blood coagulation, intrinsic pathway	17	2	0.07	0.00220
20	GO :0051882	mitochondrial depolarization	19	2	0.08	0.00276
21	GO :0046835	carbohydrate phosphorylation	20	2	0.08	0.00305
22	GO :0044243	multicellular organismal catabolic process	72	3	0.30	0.00328
23	GO :0030522	intracellular receptor signaling pathway	247	5	1.02	0.00347
24	GO :0022602	ovulation cycle process	74	3	0.31	0.00354
25	GO :0001525	angiogenesis	360	6	1.49	0.00358
26	GO :0048675	axon extension	76	3	0.32	0.00382
27	GO :0043065	positive regulation of apoptotic process	493	7	2.04	0.00400
28	GO :0030449	regulation of complement activation	24	2	0.10	0.00439
29	GO :0002576	platelet degranulation	81	3	0.34	0.00457
30	GO :0045909	positive regulation of vasodilation	25	2	0.10	0.00476
31	GO :0048873	homeostasis of number of cells within a tissue	25	2	0.10	0.00476
32	GO :0010628	positive regulation of gene expression	1277	12	5.30	0.00511
33	GO :0033198	response to ATP	26	2	0.11	0.00514
34	GO :0045824	negative regulation of innate immune response	26	2	0.11	0.00514
35	GO :0009612	response to mechanical stimulus	169	4	0.70	0.00521
36	GO :0008585	female gonad development	85	3	0.35	0.00523
37	GO :0006914	autophagy	284	5	1.18	0.00626
38	GO :0060326	cell chemotaxis	179	4	0.74	0.00637
39	GO :0008347	glial cell migration	29	2	0.12	0.00637
40	GO :0010765	positive regulation of sodium ion transport	29	2	0.12	0.00637
41	GO :0030817	regulation of cAMP biosynthetic process	92	3	0.38	0.00651
42	GO :0006874	cellular calcium ion homeostasis	288	5	1.19	0.00663
43	GO :0032781	positive regulation of ATPase activity	30	2	0.12	0.00681
44	GO :0046513	ceramide biosynthetic process	30	2	0.12	0.00681
45	GO :0030501	positive regulation of bone mineralization	31	2	0.13	0.00726

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
46	GO :0031103	axon regeneration	31	2	0.13	0.00726
47	GO :0007605	sensory perception of sound	96	3	0.40	0.00732
48	GO :0050790	regulation of catalytic activity	1798	16	7.46	0.00764
49	GO :0043268	positive regulation of potassium ion transport	32	2	0.13	0.00773
50	GO :0032963	collagen metabolic process	98	3	0.41	0.00775
51	GO :0006816	calcium ion transport	305	5	1.26	0.00840
52	GO :0034405	response to fluid shear stress	34	2	0.14	0.00869
53	GO :2000351	regulation of endothelial cell apoptotic process	34	2	0.14	0.00869
54	GO :0007596	blood coagulation	476	8	1.97	0.00946
55	GO :0044706	multi-multicellular organism process	201	4	0.83	0.00951
56	GO :0050727	regulation of inflammatory response	233	6	0.97	0.00952

Groupe 30 (effectif = 55)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0072606	interleukin-8 secretion	13	2	0.02	0.00019
2	GO :0050900	leukocyte migration	286	4	0.47	0.00103
3	GO :0006956	complement activation	39	2	0.06	0.00180
4	GO :0006968	cellular defense response	50	2	0.08	0.00294
5	GO :0032411	positive regulation of transporter activity	58	2	0.09	0.00393
6	GO :0006650	glycerophospholipid metabolic process	218	3	0.35	0.00501
7	GO :0007596	blood coagulation	476	4	0.77	0.00656
8	GO :0003096	renal sodium ion transport	5	1	0.01	0.00811
9	GO :0032596	protein transport into membrane raft	5	1	0.01	0.00811
10	GO :0098739	import across plasma membrane	6	1	0.01	0.00972
11	GO :2001204	regulation of osteoclast development	6	1	0.01	0.00972
12	GO :0015884	folic acid transport	6	1	0.01	0.00972
13	GO :0043654	recognition of apoptotic cell	6	1	0.01	0.00972

Groupe 31 (effectif = 26)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0070431	nucleotide-binding oligomerization domain containing 2 signaling pathway	7	2	0.00	5.8e-06
2	GO :0032495	response to muramyl dipeptide	12	2	0.01	1.8e-05
3	GO :0032088	negative regulation of NF-kappaB transcription factor activity	52	2	0.03	0.00036
4	GO :0034146	toll-like receptor 5 signaling pathway	64	2	0.04	0.00055

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
5	GO :0034138	toll-like receptor 3 signaling pathway	83	2	0.05	0.00092
6	GO :2001237	negative regulation of extrinsic apoptotic signaling pathway	85	2	0.05	0.00097
7	GO :0032479	regulation of type I interferon production	108	2	0.06	0.00156
8	GO :0023035	CD40 signaling pathway	5	1	0.00	0.00284
9	GO :0002677	negative regulation of chronic inflammatory response	5	1	0.00	0.00284
10	GO :0034135	regulation of toll-like receptor 2 signaling pathway	5	1	0.00	0.00284
11	GO :0061042	vascular wound healing	5	1	0.00	0.00284
12	GO :0002158	osteoclast proliferation	5	1	0.00	0.00284
13	GO :2000347	positive regulation of hepatocyte proliferation	5	1	0.00	0.00284
14	GO :0070424	regulation of nucleotide-binding oligomerization domain containing signaling pathway	5	1	0.00	0.00284
15	GO :1901029	negative regulation of mitochondrial outer membrane permeabilization involved in apoptotic signaling pathway	5	1	0.00	0.00284
16	GO :0009266	response to temperature stimulus	156	2	0.09	0.00322
17	GO :0002246	wound healing involved in inflammatory response	6	1	0.00	0.00341
18	GO :0045765	regulation of angiogenesis	162	2	0.09	0.00347
19	GO :0043122	regulation of I-kappaB kinase/NF-kappaB signaling	207	3	0.12	0.00361
20	GO :0035234	ectopic germ cell programmed cell death	7	1	0.00	0.00398
21	GO :0034144	negative regulation of toll-like receptor 4 signaling pathway	7	1	0.00	0.00398
22	GO :0002634	regulation of germinal center formation	8	1	0.00	0.00455
23	GO :0031665	negative regulation of lipopolysaccharide-mediated signaling pathway	8	1	0.00	0.00455
24	GO :0045779	negative regulation of bone resorption	8	1	0.00	0.00455
25	GO :0007186	G-protein coupled receptor signaling pathway	674	3	0.38	0.00486
26	GO :0035871	protein K11-linked deubiquitination	9	1	0.01	0.00511
27	GO :0045732	positive regulation of protein catabolic process	199	2	0.11	0.00519
28	GO :0032496	response to lipopolysaccharide	245	3	0.14	0.00528
29	GO :0032691	negative regulation of interleukin-1 beta production	10	1	0.01	0.00568
30	GO :0045820	negative regulation of glycolytic process	10	1	0.01	0.00568
31	GO :0001660	fever generation	10	1	0.01	0.00568
32	GO :0045086	positive regulation of interleukin-2 biosynthetic process	10	1	0.01	0.00568

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
33	GO :0010745	negative regulation of macrophage derived foam cell differentiation	10	1	0.01	0.00568
34	GO :0006955	immune response	1174	5	0.67	0.00589
35	GO :0007095	mitotic G2 DNA damage checkpoint	12	1	0.01	0.00681
36	GO :0007253	cytoplasmic sequestering of NF-kappaB	12	1	0.01	0.00681
37	GO :0010875	positive regulation of cholesterol efflux	13	1	0.01	0.00738
38	GO :0003085	negative regulation of systemic arterial blood pressure	14	1	0.01	0.00794
39	GO :0010888	negative regulation of lipid storage	15	1	0.01	0.00851

Groupe 32 (effectif = 87)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0070100	negative regulation of chemokine-mediated signaling pathway	5	2	0.02	9.7e-05
2	GO :0033158	regulation of protein import into nucleus, translocation	15	2	0.05	0.0010
3	GO :1901623	regulation of lymphocyte chemotaxis	17	2	0.05	0.0013
4	GO :0002407	dendritic cell chemotaxis	17	2	0.05	0.0013
5	GO :0001829	trophoblast cell differentiation	18	2	0.06	0.0015
6	GO :0014911	positive regulation of smooth muscle cell migration	18	2	0.06	0.0015
7	GO :0021895	cerebral cortex neuron differentiation	21	2	0.07	0.0020
8	GO :0042269	regulation of natural killer cell mediated cytotoxicity	21	2	0.07	0.0020
9	GO :0071295	cellular response to vitamin	22	2	0.07	0.0022
10	GO :0002687	positive regulation of leukocyte migration	83	3	0.26	0.0023
11	GO :0051262	protein tetramerization	84	3	0.27	0.0024
12	GO :0045879	negative regulation of smoothed signaling pathway	25	2	0.08	0.0028
13	GO :0021591	ventricular system development	26	2	0.08	0.0030
14	GO :1900740	positive regulation of protein insertion into mitochondrial membrane involved in apoptotic signaling pathway	26	2	0.08	0.0030
15	GO :0046824	positive regulation of nucleocytoplasmic transport	95	3	0.30	0.0033
16	GO :0019835	cytolysis	28	2	0.09	0.0035
17	GO :0061098	positive regulation of protein tyrosine kinase activity	29	2	0.09	0.0038
18	GO :0021772	olfactory bulb development	32	2	0.10	0.0046
19	GO :0045597	positive regulation of cell differentiation	680	7	2.16	0.0050

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
20	GO :0046580	negative regulation of Ras protein signal transduction	36	2	0.11	0.0058
21	GO :0006955	immune response	1174	11	3.72	0.0061
22	GO :2000107	negative regulation of leukocyte apoptotic process	40	2	0.13	0.0071
23	GO :0021762	substantia nigra development	40	2	0.13	0.0071
24	GO :0043491	protein kinase B signaling	128	3	0.41	0.0077
25	GO :0033209	tumor necrosis factor-mediated si- gnaling pathway	44	2	0.14	0.0085

Groupe 33 (effectif = 42)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0006954	inflammatory response	516	7	0.67	1.8e-06
2	GO :0030593	neutrophil chemotaxis	53	3	0.07	4.1e-05
3	GO :0050755	chemokine metabolic process	14	2	0.02	0.00014
4	GO :0002407	dendritic cell chemotaxis	17	2	0.02	0.00021
5	GO :0035336	long-chain fatty-acyl-CoA metabo- lic process	19	2	0.02	0.00027
6	GO :0070374	positive regulation of ERK1 and ERK2 cascade	105	3	0.14	0.00031
7	GO :0050829	defense response to Gram-negative bacterium	29	2	0.04	0.00063
8	GO :0042088	T-helper 1 type immune response	30	2	0.04	0.00068
9	GO :0070098	chemokine-mediated signaling path- way	42	2	0.05	0.00133
10	GO :0032729	positive regulation of interferon- gamma production	45	2	0.06	0.00152
11	GO :0019432	triglyceride biosynthetic process	49	2	0.06	0.00180
12	GO :0006968	cellular defense response	50	2	0.07	0.00187
13	GO :0032623	interleukin-2 production	51	2	0.07	0.00195
14	GO :0034097	response to cytokine	566	6	0.74	0.00235
15	GO :0007200	phospholipase C-activating G- protein coupled receptor signaling pathway	59	2	0.08	0.00260
16	GO :0002367	cytokine production involved in im- mune response	59	2	0.08	0.00260
17	GO :0002690	positive regulation of leukocyte che- motaxis	60	2	0.08	0.00269
18	GO :0031100	organ regeneration	67	2	0.09	0.00334
19	GO :0032147	activation of protein kinase activity	242	3	0.31	0.00349
20	GO :0032496	response to lipopolysaccharide	245	3	0.32	0.00361
21	GO :0006955	immune response	1174	8	1.53	0.00390
22	GO :0045766	positive regulation of angiogenesis	90	2	0.12	0.00595
23	GO :0060452	positive regulation of cardiac muscle contraction	5	1	0.01	0.00649
24	GO :0070944	neutrophil mediated killing of bac- terium	5	1	0.01	0.00649

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
25	GO :0032819	positive regulation of natural killer cell proliferation	5	1	0.01	0.00649
26	GO :0001866	NK T cell proliferation	5	1	0.01	0.00649
27	GO :0071421	manganese ion transmembrane transport	5	1	0.01	0.00649
28	GO :0042253	granulocyte macrophage colony-stimulating factor biosynthetic process	5	1	0.01	0.00649
29	GO :0002309	T cell proliferation involved in immune response	5	1	0.01	0.00649
30	GO :0072503	cellular divalent inorganic cation homeostasis	303	3	0.39	0.00654
31	GO :0060613	fat pad development	6	1	0.01	0.00778
32	GO :0072672	neutrophil extravasation	6	1	0.01	0.00778
33	GO :0035356	cellular triglyceride homeostasis	6	1	0.01	0.00778
34	GO :0060586	multicellular organismal iron ion homeostasis	6	1	0.01	0.00778
35	GO :0046339	diacylglycerol metabolic process	6	1	0.01	0.00778
36	GO :0071877	regulation of adrenergic receptor signaling pathway	6	1	0.01	0.00778
37	GO :0015809	arginine transport	6	1	0.01	0.00778
38	GO :0002606	positive regulation of dendritic cell antigen processing and presentation	7	1	0.01	0.00907
39	GO :0010519	negative regulation of phospholipase activity	7	1	0.01	0.00907
40	GO :0034201	response to oleic acid	7	1	0.01	0.00907
41	GO :0060136	embryonic process involved in female pregnancy	7	1	0.01	0.00907
42	GO :0006032	chitin catabolic process	7	1	0.01	0.00907

Groupe 34 (effectif = 8)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0071317	cellular response to isoquinoline alkaloid	5	1	0.00	0.00041
2	GO :0071670	smooth muscle cell chemotaxis	5	1	0.00	0.00041
3	GO :0014744	positive regulation of muscle adaptation	5	1	0.00	0.00041
4	GO :0071447	cellular response to hydroperoxide	6	1	0.00	0.00049
5	GO :0001774	microglial cell activation	10	1	0.00	0.00081
6	GO :0014912	negative regulation of smooth muscle cell migration	11	1	0.00	0.00089
7	GO :0090026	positive regulation of monocyte chemotaxis	11	1	0.00	0.00089
8	GO :0014911	positive regulation of smooth muscle cell migration	18	1	0.00	0.00146
9	GO :2000406	positive regulation of T cell migration	20	1	0.00	0.00163

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
10	GO :1900087	positive regulation of G1/S transition of mitotic cell cycle	20	1	0.00	0.00163
11	GO :0097178	ruffle assembly	22	1	0.00	0.00179
12	GO :0071242	cellular response to ammonium ion	24	1	0.00	0.00195
13	GO :0006911	phagocytosis, engulfment	24	1	0.00	0.00195
14	GO :0043278	response to morphine	26	1	0.00	0.00211
15	GO :0048662	negative regulation of smooth muscle cell proliferation	26	1	0.00	0.00211
16	GO :0050922	negative regulation of chemotaxis	26	1	0.00	0.00211
17	GO :0045429	positive regulation of nitric oxide biosynthetic process	33	1	0.00	0.00268
18	GO :0051602	response to electrical stimulus	39	1	0.00	0.00317
19	GO :0048661	positive regulation of smooth muscle cell proliferation	49	1	0.00	0.00398
20	GO :0048678	response to axon injury	50	1	0.00	0.00407
21	GO :0042102	positive regulation of T cell proliferation	75	1	0.01	0.00610
22	GO :0071346	cellular response to interferon-gamma	85	1	0.01	0.00691
23	GO :0051017	actin filament bundle assembly	91	1	0.01	0.00740

Groupe 35 (effectif = 27)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :1900034	regulation of cellular response to heat	34	2	0.03	0.00040
2	GO :0006457	protein folding	186	3	0.17	0.00051
3	GO :0006959	humoral immune response	107	2	0.10	0.00392
4	GO :2000427	positive regulation of apoptotic cell clearance	5	1	0.00	0.00447
5	GO :0002730	regulation of dendritic cell cytokine production	5	1	0.00	0.00447
6	GO :0002885	positive regulation of hypersensitivity	5	1	0.00	0.00447
7	GO :0045040	protein import into mitochondrial outer membrane	5	1	0.00	0.00447
8	GO :1900246	positive regulation of RIG-I signaling pathway	5	1	0.00	0.00447
9	GO :0039530	MDA-5 signaling pathway	6	1	0.01	0.00536
10	GO :0035589	G-protein coupled purinergic nucleotide receptor signaling pathway	8	1	0.01	0.00714
11	GO :0046007	negative regulation of activated T cell proliferation	8	1	0.01	0.00714
12	GO :0031115	negative regulation of microtubule polymerization	10	1	0.01	0.00891
13	GO :0010951	negative regulation of endopeptidase activity	165	2	0.15	0.00909
14	GO :0001818	negative regulation of cytokine production	171	2	0.15	0.00974

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
15	GO :0010866	regulation of triglyceride biosynthetic process	11	1	0.01	0.00980

Groupe 36 (effectif = 33)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0045648	positive regulation of erythrocyte differentiation	20	2	0.02	0.00014
2	GO :0045071	negative regulation of viral genome replication	37	2	0.03	0.00048
3	GO :0005978	glycogen biosynthetic process	49	2	0.04	0.00084
4	GO :0060337	type I interferon signaling pathway	58	2	0.05	0.00117
5	GO :0032364	oxygen homeostasis	5	1	0.00	0.00447
6	GO :0003032	detection of oxygen	5	1	0.00	0.00447
7	GO :0033591	response to L-ascorbic acid	5	1	0.00	0.00447
8	GO :0045627	positive regulation of T-helper 1 cell differentiation	5	1	0.00	0.00447
9	GO :0001889	liver development	115	2	0.10	0.00451
10	GO :1901163	regulation of trophoblast cell migration	6	1	0.01	0.00536
11	GO :0005981	regulation of glycogen catabolic process	8	1	0.01	0.00714
12	GO :0045628	regulation of T-helper 2 cell differentiation	8	1	0.01	0.00714
13	GO :0048484	enteric nervous system development	8	1	0.01	0.00714
14	GO :0071361	cellular response to ethanol	9	1	0.01	0.00802
15	GO :0032927	positive regulation of activin receptor signaling pathway	9	1	0.01	0.00802
16	GO :0045623	negative regulation of T-helper cell differentiation	9	1	0.01	0.00802
17	GO :0002829	negative regulation of type 2 immune response	9	1	0.01	0.00802
18	GO :0010269	response to selenium ion	9	1	0.01	0.00802
19	GO :0034976	response to endoplasmic reticulum stress	163	2	0.15	0.00888
20	GO :0051607	defense response to virus	167	2	0.15	0.00930
21	GO :0050665	hydrogen peroxide biosynthetic process	11	1	0.01	0.00980
22	GO :0038092	nodal signaling pathway	11	1	0.01	0.00980

Groupe 37 (effectif = 52)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0051607	defense response to virus	167	10	0.27	1.2e-09
2	GO :0032727	positive regulation of interferon-alpha production	15	3	0.02	1.7e-06
3	GO :0045087	innate immune response	729	14	1.19	4.1e-06

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
4	GO :0032728	positive regulation of interferon-beta production	25	3	0.04	8.3e-06
5	GO :0060337	type I interferon signaling pathway	58	6	0.09	8.8e-06
6	GO :0060338	regulation of type I interferon-mediated signaling pathway	28	3	0.05	1.2e-05
7	GO :0032480	negative regulation of type I interferon production	39	3	0.06	3.2e-05
8	GO :0039530	MDA-5 signaling pathway	6	2	0.01	3.8e-05
9	GO :0060333	interferon-gamma-mediated signaling pathway	62	3	0.10	0.00013
10	GO :0045351	type I interferon biosynthetic process	14	2	0.02	0.00023
11	GO :0006925	inflammatory cell apoptotic process	14	2	0.02	0.00023
12	GO :0002828	regulation of type 2 immune response	20	2	0.03	0.00047
13	GO :0010543	regulation of platelet activation	25	2	0.04	0.00074
14	GO :0002720	positive regulation of cytokine production involved in immune response	26	2	0.04	0.00080
15	GO :0034121	regulation of toll-like receptor signaling pathway	33	2	0.05	0.00129
16	GO :0002250	adaptive immune response	194	7	0.32	0.00155
17	GO :0045071	negative regulation of viral genome replication	37	2	0.06	0.00162
18	GO :0045637	regulation of myeloid cell differentiation	151	3	0.25	0.00178
19	GO :0031663	lipopolysaccharide-mediated signaling pathway	45	2	0.07	0.00239
20	GO :0032729	positive regulation of interferon-gamma production	45	2	0.07	0.00239
21	GO :0042108	positive regulation of cytokine biosynthetic process	55	2	0.09	0.00354
22	GO :1902106	negative regulation of leukocyte differentiation	61	2	0.10	0.00434
23	GO :0071260	cellular response to mechanical stimulus	64	2	0.10	0.00477
24	GO :0050688	regulation of defense response to virus	73	3	0.12	0.00485
25	GO :0070647	protein modification by small protein conjugation or removal	720	5	1.17	0.00504
26	GO :0034162	toll-like receptor 9 signaling pathway	72	2	0.12	0.00600
27	GO :0045625	regulation of T-helper 1 cell differentiation	9	2	0.01	0.00617
28	GO :0035666	TRIF-dependent toll-like receptor signaling pathway	75	2	0.12	0.00650
29	GO :0002698	negative regulation of immune effector process	77	2	0.13	0.00684
30	GO :0043901	negative regulation of multi-organism process	123	4	0.20	0.00692
31	GO :0002755	MyD88-dependent toll-like receptor signaling pathway	80	2	0.13	0.00736

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
32	GO :0002819	regulation of adaptive immune response	100	4	0.16	0.00768
33	GO :0034138	toll-like receptor 3 signaling pathway	83	2	0.13	0.00790
34	GO :0018377	protein myristoylation	5	1	0.01	0.00811
35	GO :0006927	transformed cell apoptotic process	5	1	0.01	0.00811
36	GO :0097049	motor neuron apoptotic process	5	1	0.01	0.00811
37	GO :1900246	positive regulation of RIG-I signaling pathway	5	1	0.01	0.00811
38	GO :0070424	regulation of nucleotide-binding oligomerization domain containing signaling pathway	5	1	0.01	0.00811
39	GO :0035745	T-helper 2 cell cytokine production	5	1	0.01	0.00811
40	GO :0002730	regulation of dendritic cell cytokine production	5	1	0.01	0.00811

Groupe 38 (effectif = 15)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0071347	cellular response to interleukin-1	49	2	0.02	0.00015
2	GO :2000379	positive regulation of reactive oxygen species metabolic process	75	2	0.03	0.00036
3	GO :0071346	cellular response to interferon-gamma	85	2	0.03	0.00047
4	GO :0050728	negative regulation of inflammatory response	87	2	0.04	0.00049
5	GO :0071356	cellular response to tumor necrosis factor	99	2	0.04	0.00063
6	GO :0019722	calcium-mediated signaling	117	2	0.05	0.00088
7	GO :0071383	cellular response to steroid hormone stimulus	124	2	0.05	0.00099
8	GO :0051769	regulation of nitric-oxide synthase biosynthetic process	17	2	0.01	0.00130
9	GO :0007267	cell-cell signaling	982	4	0.40	0.00188
10	GO :0034135	regulation of toll-like receptor 2 signaling pathway	5	1	0.00	0.00203
11	GO :0042045	epithelial fluid transport	5	1	0.00	0.00203
12	GO :0034392	negative regulation of smooth muscle cell apoptotic process	5	1	0.00	0.00203
13	GO :0060297	regulation of sarcomere organization	5	1	0.00	0.00203
14	GO :0032610	interleukin-1 alpha production	5	1	0.00	0.00203
15	GO :2000503	positive regulation of natural killer cell chemotaxis	5	1	0.00	0.00203
16	GO :0060024	rhythmic synaptic transmission	5	1	0.00	0.00203
17	GO :0032496	response to lipopolysaccharide	245	3	0.10	0.00217
18	GO :0014824	artery smooth muscle contraction	6	1	0.00	0.00244
19	GO :0034144	negative regulation of toll-like receptor 4 signaling pathway	7	1	0.00	0.00284

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
20	GO :0019626	short-chain fatty acid catabolic process	7	1	0.00	0.00284
21	GO :0042482	positive regulation of odontogenesis	7	1	0.00	0.00284
22	GO :0001821	histamine secretion	7	1	0.00	0.00284
23	GO :0060137	maternal process involved in parturition	7	1	0.00	0.00284
24	GO :1902074	response to salt	7	1	0.00	0.00284
25	GO :0031665	negative regulation of lipopolysaccharide-mediated signaling pathway	8	1	0.00	0.00325
26	GO :0070099	regulation of chemokine-mediated signaling pathway	8	1	0.00	0.00325
27	GO :0071223	cellular response to lipoteichoic acid	8	1	0.00	0.00325
28	GO :0035458	cellular response to interferon-beta	8	1	0.00	0.00325
29	GO :0006954	inflammatory response	516	4	0.21	0.00361
30	GO :0043922	negative regulation by host of viral transcription	9	1	0.00	0.00365
31	GO :0045793	positive regulation of cell size	10	1	0.00	0.00406
32	GO :0014821	phasic smooth muscle contraction	11	1	0.00	0.00447
33	GO :0032308	positive regulation of prostaglandin secretion	11	1	0.00	0.00447
34	GO :0051482	positive regulation of cytosolic calcium ion concentration involved in phospholipase C-activating G-protein coupled signaling pathway	12	1	0.00	0.00487
35	GO :0035810	positive regulation of urine volume	12	1	0.00	0.00487
36	GO :0035815	positive regulation of renal sodium excretion	12	1	0.00	0.00487
37	GO :0010870	positive regulation of receptor biosynthetic process	12	1	0.00	0.00487
38	GO :0051770	positive regulation of nitric-oxide synthase biosynthetic process	13	1	0.01	0.00528
39	GO :0044321	response to leptin	13	1	0.01	0.00528
40	GO :0002922	positive regulation of humoral immune response	13	1	0.01	0.00528
41	GO :0010613	positive regulation of cardiac muscle hypertrophy	14	1	0.01	0.00568
42	GO :0090023	positive regulation of neutrophil chemotaxis	17	1	0.01	0.00689
43	GO :0035994	response to muscle stretch	17	1	0.01	0.00689
44	GO :0019730	antimicrobial humoral response	18	1	0.01	0.00730
45	GO :0042474	middle ear morphogenesis	19	1	0.01	0.00770
46	GO :0002507	tolerance induction	19	1	0.01	0.00770
47	GO :2000406	positive regulation of T cell migration	20	1	0.01	0.00811
48	GO :0010460	positive regulation of heart rate	20	1	0.01	0.00811
49	GO :0001516	prostaglandin biosynthetic process	20	1	0.01	0.00811
50	GO :0002833	positive regulation of response to biotic stimulus	21	1	0.01	0.00851
51	GO :0042554	superoxide anion generation	21	1	0.01	0.00851
52	GO :0045987	positive regulation of smooth muscle contraction	22	1	0.01	0.00891

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
53	GO :0032732	positive regulation of interleukin-1 production	23	1	0.01	0.00932
54	GO :0071548	response to dexamethasone	23	1	0.01	0.00932
55	GO :0051385	response to mineralocorticoid	24	1	0.01	0.00972

Groupe 39 (effectif = 23)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0002526	acute inflammatory response	109	2	0.07	0.0021
2	GO :2000427	positive regulation of apoptotic cell clearance	5	1	0.00	0.0032
3	GO :0035093	spermatogenesis, exchange of chromosomal proteins	5	1	0.00	0.0032
4	GO :0042866	pyruvate biosynthetic process	5	1	0.00	0.0032
5	GO :1903054	negative regulation of extracellular matrix organization	5	1	0.00	0.0032
6	GO :0010713	negative regulation of collagen metabolic process	7	1	0.00	0.0045
7	GO :0006563	L-serine metabolic process	7	1	0.00	0.0045
8	GO :0060312	regulation of blood vessel remodeling	7	1	0.00	0.0045
9	GO :0042747	circadian sleep/wake cycle, REM sleep	7	1	0.00	0.0045
10	GO :0007584	response to nutrient	165	2	0.11	0.0048
11	GO :0000050	urea cycle	8	1	0.01	0.0052
12	GO :0009071	serine family amino acid catabolic process	9	1	0.01	0.0058
13	GO :0010715	regulation of extracellular matrix disassembly	9	1	0.01	0.0058
14	GO :0036149	phosphatidylinositol acyl-chain remodeling	10	1	0.01	0.0065
15	GO :0045945	positive regulation of transcription from RNA polymerase III promoter	10	1	0.01	0.0065
16	GO :0006516	glycoprotein catabolic process	10	1	0.01	0.0065
17	GO :0043206	extracellular fibril organization	10	1	0.01	0.0065
18	GO :1903019	negative regulation of glycoprotein metabolic process	12	1	0.01	0.0078
19	GO :0050872	white fat cell differentiation	13	1	0.01	0.0084
20	GO :0060009	Sertoli cell development	13	1	0.01	0.0084
21	GO :0034104	negative regulation of tissue remodeling	15	1	0.01	0.0097
22	GO :0007141	male meiosis I	15	1	0.01	0.0097

Groupe 40 (effectif = 12)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :2001236	regulation of extrinsic apoptotic signaling pathway	142	2	0.07	0.0019
2	GO :0042167	heme catabolic process	5	1	0.00	0.0024
3	GO :0071281	cellular response to iron ion	5	1	0.00	0.0024
4	GO :0043123	positive regulation of I-kappaB kinase/NF-kappaB signaling	163	2	0.08	0.0025
5	GO :0032762	mast cell cytokine production	6	1	0.00	0.0029
6	GO :0002246	wound healing involved in inflammatory response	6	1	0.00	0.0029
7	GO :0033004	negative regulation of mast cell activation	7	1	0.00	0.0034
8	GO :0043301	negative regulation of leukocyte degranulation	7	1	0.00	0.0034
9	GO :0045647	negative regulation of erythrocyte differentiation	7	1	0.00	0.0034
10	GO :0002887	negative regulation of myeloid leukocyte mediated immunity	7	1	0.00	0.0034
11	GO :0043619	regulation of transcription from RNA polymerase II promoter in response to oxidative stress	8	1	0.00	0.0039
12	GO :0001867	complement activation, lectin pathway	8	1	0.00	0.0039
13	GO :0045080	positive regulation of chemokine biosynthetic process	9	1	0.00	0.0044
14	GO :0045916	negative regulation of complement activation	9	1	0.00	0.0044
15	GO :0030207	chondroitin sulfate catabolic process	11	1	0.01	0.0054
16	GO :0030208	dermatan sulfate biosynthetic process	11	1	0.01	0.0054
17	GO :0071243	cellular response to arsenic-containing substance	11	1	0.01	0.0054
18	GO :0071276	cellular response to cadmium ion	12	1	0.01	0.0058
19	GO :0071496	cellular response to external stimulus	257	2	0.13	0.0062
20	GO :0007379	segment specification	15	1	0.01	0.0073
21	GO :0045671	negative regulation of osteoclast differentiation	16	1	0.01	0.0078
22	GO :0043011	myeloid dendritic cell differentiation	16	1	0.01	0.0078
23	GO :0034383	low-density lipoprotein particle clearance	17	1	0.01	0.0083
24	GO :0007597	blood coagulation, intrinsic pathway	17	1	0.01	0.0083
25	GO :0002719	negative regulation of cytokine production involved in immune response	18	1	0.01	0.0088

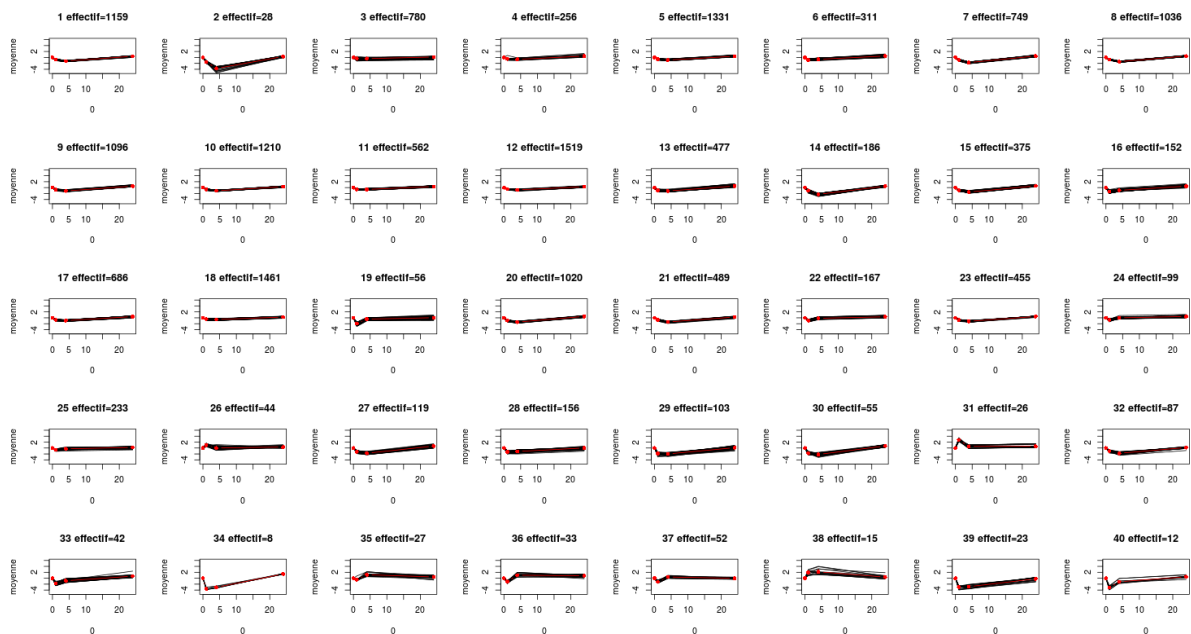


FIGURE E.1. – Evolution des gènes différentiels entre $t = 0$ et $t = +1h$ par cluster

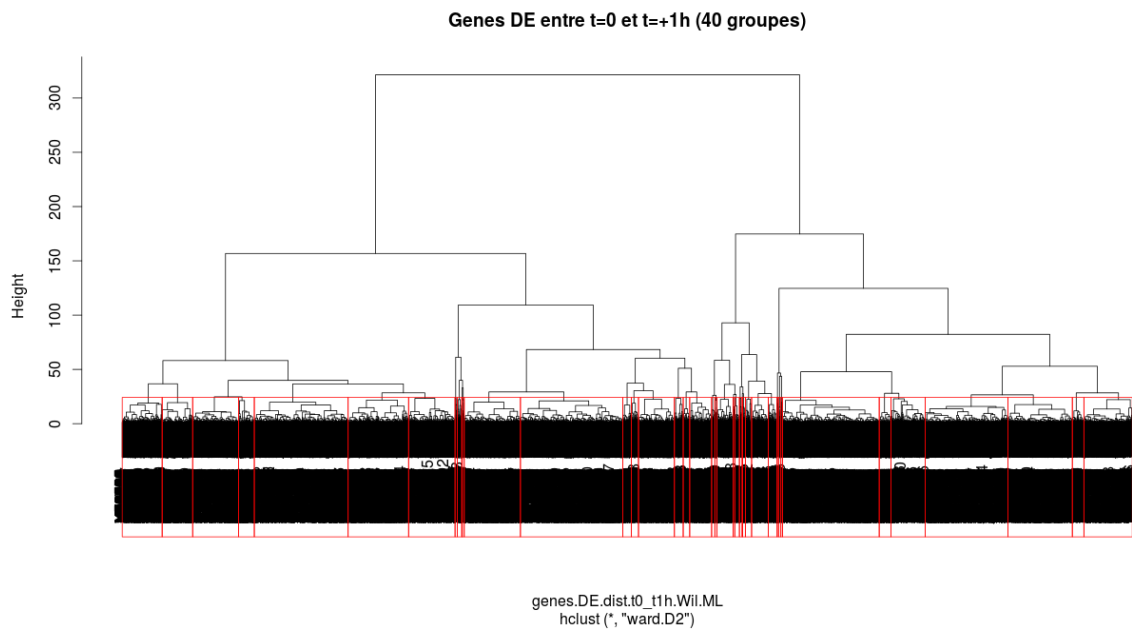


FIGURE E.2. – CAH sur les gènes différentiels entre $t = 0$ et $t = +1h$ par cluster

F. Résultats des tests d'enrichissement par cluster pour les gènes différentiels avec des tests de Wilcoxon pour $t = +4h$ au seuil 1%

Groupe 1 (effectif = 882)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0006406	mRNA export from nucleus	68	16	3.04	3.5e-08
2	GO :0010467	gene expression	3750	278	167.72	4.4e-07
3	GO :0000398	mRNA splicing, via spliceosome	222	33	9.93	4.0e-06
4	GO :0006281	DNA repair	393	37	17.58	1.5e-05
5	GO :0006397	mRNA processing	394	60	17.62	2.7e-05
6	GO :0051571	positive regulation of histone H3-K4 methylation	15	6	0.67	2.8e-05
7	GO :0048025	negative regulation of mRNA splicing, via spliceosome	18	6	0.81	9.1e-05
8	GO :0016032	viral process	665	56	29.74	9.5e-05
9	GO :0048205	COPI coating of Golgi vesicle	12	5	0.54	0.00011
10	GO :0031124	mRNA 3'-end processing	95	20	4.25	0.00013
11	GO :0032968	positive regulation of transcription elongation from RNA polymerase II promoter	13	5	0.58	0.00017
12	GO :0070125	mitochondrial translational elongation	68	11	3.04	0.00020
13	GO :0006120	mitochondrial electron transport, NADH to ubiquinone	47	9	2.10	0.00020
14	GO :0070124	mitochondrial translational initiation	69	11	3.09	0.00022
15	GO :0070126	mitochondrial translational termination	69	11	3.09	0.00022
16	GO :1900364	negative regulation of mRNA polyadenylation	8	4	0.36	0.00024
17	GO :0002183	cytoplasmic translational initiation	8	4	0.36	0.00024
18	GO :0008380	RNA splicing	317	49	14.18	0.00030
19	GO :0006368	transcription elongation from RNA polymerase II promoter	76	15	3.40	0.00042
20	GO :0006369	termination of RNA polymerase II transcription	42	8	1.88	0.00047
21	GO :0034968	histone lysine methylation	81	16	3.62	0.00060
22	GO :0006376	mRNA splice site selection	25	6	1.12	0.00067
23	GO :0006388	tRNA splicing, via endonucleolytic cleavage and ligation	10	4	0.45	0.00067

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
24	GO :0060213	positive regulation of nuclear-transcribed mRNA poly(A) tail shortening	10	4	0.45	0.00067
25	GO :0006417	regulation of translation	248	27	11.09	0.00086
26	GO :0006351	transcription, DNA-templated	2680	170	119.87	0.00086
27	GO :0007030	Golgi organization	70	13	3.13	0.00096
28	GO :0006310	DNA recombination	222	21	9.93	0.00098
29	GO :0000381	regulation of alternative mRNA splicing, via spliceosome	27	6	1.21	0.00103
30	GO :0050434	positive regulation of viral transcription	48	8	2.15	0.00118
31	GO :0016458	gene silencing	110	13	4.92	0.00123
32	GO :0006890	retrograde vesicle-mediated transport, Golgi to ER	28	6	1.25	0.00126
33	GO :0001833	inner cell mass cell proliferation	12	4	0.54	0.00147
34	GO :0048313	Golgi inheritance	12	4	0.54	0.00147
35	GO :0006271	DNA strand elongation involved in DNA replication	29	6	1.30	0.00153
36	GO :0042256	mature ribosome assembly	6	3	0.27	0.00161
37	GO :0006122	mitochondrial electron transport, ubiquinol to cytochrome c	6	3	0.27	0.00161
38	GO :0022613	ribonucleoprotein complex biogenesis	289	38	12.93	0.00173
39	GO :0045814	negative regulation of gene expression, epigenetic	92	11	4.11	0.00261
40	GO :0016482	cytoplasmic transport	925	73	41.37	0.00278
41	GO :0000122	negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter	586	41	26.21	0.00294
42	GO :0006355	regulation of transcription, DNA-templated	2567	153	114.81	0.00307
43	GO :0033260	nuclear DNA replication	34	6	1.52	0.00359
44	GO :0048490	anterograde synaptic vesicle transport	15	4	0.67	0.00364
45	GO :0006364	rRNA processing	128	16	5.72	0.00378
46	GO :0006367	transcription initiation from RNA polymerase II promoter	185	17	8.27	0.00388
47	GO :0033182	regulation of histone ubiquitination	8	3	0.36	0.00421
48	GO :0006446	regulation of translational initiation	71	9	3.18	0.00421
49	GO :0070972	protein localization to endoplasmic reticulum	127	13	5.68	0.00445
50	GO :0006099	tricarboxylic acid cycle	26	5	1.16	0.00529
51	GO :0006270	DNA replication initiation	26	5	1.16	0.00529
52	GO :0006338	chromatin remodeling	130	13	5.81	0.00542
53	GO :0000154	rRNA modification	17	4	0.76	0.00591
54	GO :0032785	negative regulation of DNA-templated transcription, elongation	9	3	0.40	0.00611
55	GO :0043488	regulation of mRNA stability	50	7	2.24	0.00648
56	GO :0007049	cell cycle	1392	89	62.26	0.00677
57	GO :0043648	dicarboxylic acid metabolic process	77	9	3.44	0.00721
58	GO :0051436	negative regulation of ubiquitin-protein ligase activity involved in mitotic cell cycle	65	8	2.91	0.00814

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
59	GO :0043161	proteasome-mediated ubiquitin-dependent protein catabolic process	334	25	14.94	0.00822
60	GO :0000209	protein polyubiquitination	184	16	8.23	0.00842

Groupe 2 (effectif = 35)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0019835	cytolysis	28	2	0.03	0.00052
2	GO :0001912	positive regulation of leukocyte mediated cytotoxicity	30	2	0.04	0.00059
3	GO :0042267	natural killer cell mediated cytotoxicity	38	2	0.05	0.00095
4	GO :0016485	protein processing	455	4	0.56	0.00182
5	GO :0031295	T cell costimulation	56	2	0.07	0.00206
6	GO :0051346	negative regulation of hydrolase activity	286	3	0.35	0.00460
7	GO :0006955	immune response	1174	7	1.43	0.00462
8	GO :1902531	regulation of intracellular signal transduction	1448	6	1.77	0.00514
9	GO :0060666	dichotomous subdivision of terminal units involved in salivary gland branching	5	1	0.01	0.00609
10	GO :0032415	regulation of sodium :proton antiporter activity	5	1	0.01	0.00609
11	GO :2000402	negative regulation of lymphocyte migration	6	1	0.01	0.00730
12	GO :0051712	positive regulation of killing of cells of other organism	6	1	0.01	0.00730
13	GO :0045654	positive regulation of megakaryocyte differentiation	6	1	0.01	0.00730
14	GO :0031284	positive regulation of guanylate cyclase activity	7	1	0.01	0.00851
15	GO :0003376	sphingosine-1-phosphate signaling pathway	7	1	0.01	0.00851
16	GO :2000501	regulation of natural killer cell chemotaxis	7	1	0.01	0.00851
17	GO :0002689	negative regulation of leukocyte chemotaxis	8	1	0.01	0.00972
18	GO :0030854	positive regulation of granulocyte differentiation	8	1	0.01	0.00972
19	GO :0006527	arginine catabolic process	8	1	0.01	0.00972
20	GO :0051248	negative regulation of protein metabolic process	726	4	0.89	0.00975

Groupe 3 (effectif = 219)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0070527	platelet aggregation	46	9	0.40	1.7e-10
2	GO :0002576	platelet degranulation	81	7	0.70	6.4e-06
3	GO :0034446	substrate adhesion-dependent cell spreading	64	6	0.56	1.9e-05
4	GO :0007229	integrin-mediated signaling pathway	83	6	0.72	8.3e-05
5	GO :0038095	Fc-epsilon receptor signaling pathway	152	7	1.32	0.00036
6	GO :0030168	platelet activation	219	16	1.91	0.00047
7	GO :0034329	cell junction assembly	201	10	1.75	0.00070
8	GO :0009967	positive regulation of signal transduction	1128	23	9.82	0.00084
9	GO :0042989	sequestering of actin monomers	6	2	0.05	0.00110
10	GO :0009966	regulation of signal transduction	2265	42	19.71	0.00120
11	GO :0007169	transmembrane receptor protein tyrosine kinase signaling pathway	721	15	6.27	0.00140
12	GO :1900740	positive regulation of protein insertion into mitochondrial membrane involved in apoptotic signaling pathway	26	3	0.23	0.00144
13	GO :0046718	viral entry into host cell	65	4	0.57	0.00244
14	GO :0031532	actin cytoskeleton reorganization	65	4	0.57	0.00244
15	GO :0045714	regulation of low-density lipoprotein particle receptor biosynthetic process	9	2	0.08	0.00259
16	GO :0046854	phosphatidylinositol phosphorylation	32	3	0.28	0.00264
17	GO :0007160	cell-matrix adhesion	165	6	1.44	0.00316
18	GO :0007568	aging	228	7	1.98	0.00373
19	GO :0007044	cell-substrate junction assembly	74	4	0.64	0.00391
20	GO :0016082	synaptic vesicle priming	11	2	0.10	0.00392
21	GO :0016477	cell migration	968	17	8.42	0.00404
22	GO :0052547	regulation of peptidase activity	296	8	2.58	0.00426
23	GO :0048675	axon extension	76	4	0.66	0.00430
24	GO :0010870	positive regulation of receptor biosynthetic process	12	2	0.10	0.00468
25	GO :0048313	Golgi inheritance	12	2	0.10	0.00468
26	GO :0021762	substantia nigra development	40	3	0.35	0.00501
27	GO :0060055	angiogenesis involved in wound healing	13	2	0.11	0.00550
28	GO :1900027	regulation of ruffle assembly	13	2	0.11	0.00550
29	GO :0033631	cell-cell adhesion mediated by integrin	13	2	0.11	0.00550
30	GO :0071363	cellular response to growth factor stimulus	597	12	5.19	0.00563
31	GO :0051084	'de novo' posttranslational protein folding	45	3	0.39	0.00697
32	GO :0002224	toll-like receptor signaling pathway	138	5	1.20	0.00706

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
33	GO :0042981	regulation of apoptotic process	1169	21	10.17	0.00719
34	GO :0001836	release of cytochrome c from mitochondria	47	3	0.41	0.00787
35	GO :0051345	positive regulation of hydrolase activity	703	13	6.12	0.00790
36	GO :0097435	fibril organization	16	2	0.14	0.00831
37	GO :0007266	Rho protein signal transduction	477	10	4.15	0.00856
38	GO :0050852	T cell receptor signaling pathway	93	4	0.81	0.00875
39	GO :0051289	protein homotetramerization	49	3	0.43	0.00883
40	GO :0032006	regulation of TOR signaling	50	3	0.44	0.00933

Groupe 4 (effectif = 945)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0019083	viral transcription	167	22	8.13	2.0e-05
2	GO :0006614	SRP-dependent cotranslational protein targeting to membrane	103	16	5.02	3.6e-05
3	GO :0006415	translational termination	153	20	7.45	5.2e-05
4	GO :0016567	protein ubiquitination	603	51	29.37	7.9e-05
5	GO :0000184	nuclear-transcribed mRNA catabolic process, nonsense-mediated decay	111	16	5.41	9.0e-05
6	GO :0006414	translational elongation	176	21	8.57	0.00013
7	GO :0018279	protein N-linked glycosylation via asparagine	104	15	5.07	0.00015
8	GO :0006413	translational initiation	232	25	11.30	0.00016
9	GO :0010467	gene expression	3750	236	182.67	0.00090
10	GO :0043162	ubiquitin-dependent protein catabolic process via the multivesicular body sorting pathway	17	5	0.83	0.00102
11	GO :0006284	base-excision repair	44	8	2.14	0.00113
12	GO :0007041	lysosomal transport	45	8	2.19	0.00132
13	GO :0016032	viral process	665	61	32.39	0.00149
14	GO :0097193	intrinsic apoptotic signaling pathway	255	24	12.42	0.00154
15	GO :0009060	aerobic respiration	47	8	2.29	0.00177
16	GO :0042273	ribosomal large subunit biogenesis	19	5	0.93	0.00177
17	GO :0009083	branched-chain amino acid catabolic process	19	5	0.93	0.00177
18	GO :0048313	Golgi inheritance	12	4	0.58	0.00202
19	GO :0033539	fatty acid beta-oxidation using acyl-CoA dehydrogenase	6	3	0.29	0.00206
20	GO :0048643	positive regulation of skeletal muscle tissue development	20	5	0.97	0.00227
21	GO :0006271	DNA strand elongation involved in DNA replication	29	6	1.41	0.00237
22	GO :0000398	mRNA splicing, via spliceosome	222	21	10.81	0.00277
23	GO :0048208	COPII vesicle coating	13	4	0.63	0.00280

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
24	GO :0035065	regulation of histone acetylation	40	7	1.95	0.00288
25	GO :0006364	rRNA processing	128	14	6.24	0.00377
26	GO :0051168	nuclear export	131	14	6.38	0.00465
27	GO :0007029	endoplasmic reticulum organization	33	6	1.61	0.00468
28	GO :0033260	nuclear DNA replication	34	6	1.66	0.00546
29	GO :0000723	telomere maintenance	68	9	3.31	0.00549
30	GO :0009894	regulation of catabolic process	629	45	30.64	0.00606
31	GO :0006511	ubiquitin-dependent protein catabolic process	450	38	21.92	0.00652
32	GO :0042775	mitochondrial ATP synthesis coupled electron transport	58	8	2.83	0.00674
33	GO :0071156	regulation of cell cycle arrest	97	11	4.72	0.00742
34	GO :0072527	pyrimidine-containing compound metabolic process	59	8	2.87	0.00748
35	GO :0035404	histone-serine phosphorylation	9	3	0.44	0.00775
36	GO :0006677	glycosylceramide metabolic process	9	3	0.44	0.00775

Groupe 5 (effectif = 377)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0014744	positive regulation of muscle adaptation	5	3	0.08	3.8e-05
2	GO :0016568	chromatin modification	508	20	8.01	0.00084
3	GO :0065004	protein-DNA complex assembly	107	7	1.69	0.00151
4	GO :0032528	microvillus organization	17	3	0.27	0.00223
5	GO :0042359	vitamin D metabolic process	17	3	0.27	0.00223
6	GO :0006606	protein import into nucleus	218	10	3.44	0.00241
7	GO :1903047	mitotic cell cycle process	726	22	11.45	0.00245
8	GO :2000273	positive regulation of receptor activity	22	3	0.35	0.00477
9	GO :0042759	long-chain fatty acid biosynthetic process	7	2	0.11	0.00494
10	GO :0033004	negative regulation of mast cell activation	7	2	0.11	0.00494
11	GO :0007635	chemosensory behavior	7	2	0.11	0.00494
12	GO :0050805	negative regulation of synaptic transmission	45	4	0.71	0.00540
13	GO :0010468	regulation of gene expression	3100	65	48.91	0.00564
14	GO :0043543	protein acylation	171	8	2.70	0.00574
15	GO :0050688	regulation of defense response to virus	73	5	1.15	0.00586
16	GO :0034770	histone H4-K20 methylation	8	2	0.13	0.00651
17	GO :0050954	sensory perception of mechanical stimulus	107	6	1.69	0.00691
18	GO :2001236	regulation of extrinsic apoptotic signaling pathway	142	7	2.24	0.00726
19	GO :0045494	photoreceptor cell maintenance	26	3	0.41	0.00770
20	GO :0090311	regulation of protein deacetylation	26	3	0.41	0.00770

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
21	GO :0043547	positive regulation of GTPase activity	385	13	6.07	0.00807
22	GO :0008360	regulation of cell shape	111	6	1.75	0.00822
23	GO :0034063	stress granule assembly	9	2	0.14	0.00829
24	GO :0036120	cellular response to platelet-derived growth factor stimulus	9	2	0.14	0.00829
25	GO :0045927	positive regulation of growth	183	8	2.89	0.00851
26	GO :0000075	cell cycle checkpoint	222	9	3.50	0.00867
27	GO :1902589	single-organism organelle organization	1992	46	31.43	0.00867

Groupe 6 (effectif = 314)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0046854	phosphatidylinositol phosphorylation	32	5	0.44	7.1e-05
2	GO :0046185	aldehyde catabolic process	9	3	0.12	0.00021
3	GO :0010801	negative regulation of peptidyl-threonine phosphorylation	12	3	0.17	0.00052
4	GO :0031061	negative regulation of histone methylation	13	3	0.18	0.00067
5	GO :0036092	phosphatidylinositol-3-phosphate biosynthetic process	13	3	0.18	0.00067
6	GO :0031954	positive regulation of protein autophosphorylation	17	3	0.24	0.00153
7	GO :0045123	cellular extravasation	37	4	0.51	0.00163
8	GO :0007040	lysosome organization	40	4	0.55	0.00219
9	GO :0016192	vesicle-mediated transport	1101	27	15.22	0.00237
10	GO :0030168	platelet activation	219	9	3.03	0.00340
11	GO :0045588	positive regulation of gamma-delta T cell differentiation	7	2	0.10	0.00381
12	GO :0046907	intracellular transport	1499	33	20.72	0.00433
13	GO :0051569	regulation of histone H3-K4 methylation	25	3	0.35	0.00477
14	GO :0044724	single-organism carbohydrate catabolic process	114	6	1.58	0.00499
15	GO :0014065	phosphatidylinositol 3-kinase signaling	83	5	1.15	0.00580
16	GO :0050690	regulation of defense response to virus by virus	27	3	0.37	0.00595
17	GO :0032486	Rap protein signal transduction	430	13	5.94	0.00672
18	GO :0050851	antigen receptor-mediated signaling pathway	123	6	1.70	0.00718
19	GO :0009895	negative regulation of catabolic process	162	7	2.24	0.00726
20	GO :0031295	T cell costimulation	56	4	0.77	0.00741
21	GO :0070232	regulation of T cell apoptotic process	30	3	0.41	0.00801
22	GO :0031641	regulation of myelination	30	3	0.41	0.00801

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
23	GO :0034613	cellular protein localization	1269	28	17.54	0.00847
24	GO :0006744	ubiquinone biosynthetic process	11	2	0.15	0.00963
25	GO :0071872	cellular response to epinephrine stimulus	11	2	0.15	0.00963

Groupe 7 (effectif = 938)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0006414	translational elongation	176	33	8.63	1.3e-09
2	GO :0006413	translational initiation	232	37	11.38	7.6e-08
3	GO :0006415	translational termination	153	25	7.50	1.0e-07
4	GO :0006614	SRP-dependent cotranslational protein targeting to membrane	103	18	5.05	2.3e-06
5	GO :0019083	viral transcription	167	22	8.19	2.2e-05
6	GO :0045116	protein neddylation	5	4	0.25	2.8e-05
7	GO :0000184	nuclear-transcribed mRNA catabolic process, nonsense-mediated decay	111	16	5.44	9.7e-05
8	GO :0009108	coenzyme biosynthetic process	97	14	4.76	0.00026
9	GO :0010388	cullin deneddylation	9	4	0.44	0.00059
10	GO :0034470	ncRNA processing	246	27	12.06	0.00086
11	GO :0032057	negative regulation of translational initiation in response to stress	5	3	0.25	0.00109
12	GO :0051343	positive regulation of cyclic-nucleotide phosphodiesterase activity	5	3	0.25	0.00109
13	GO :0006450	regulation of translational fidelity	12	4	0.59	0.00207
14	GO :0048205	COPI coating of Golgi vesicle	12	4	0.59	0.00207
15	GO :0002246	wound healing involved in inflammatory response	6	3	0.29	0.00210
16	GO :0006913	nucleocytoplasmic transport	416	34	20.40	0.00241
17	GO :0006399	tRNA metabolic process	135	15	6.62	0.00253
18	GO :0061136	regulation of proteasomal protein catabolic process	178	18	8.73	0.00285
19	GO :0042789	mRNA transcription from RNA polymerase II promoter	13	4	0.64	0.00287
20	GO :0006337	nucleosome disassembly	13	4	0.64	0.00287
21	GO :0006396	RNA processing	503	42	24.67	0.00335
22	GO :0008152	metabolic process	9120	509	447.21	0.00396
23	GO :0043161	proteasome-mediated ubiquitin-dependent protein catabolic process	334	28	16.38	0.00396
24	GO :0006417	regulation of translation	248	28	12.16	0.00425
25	GO :0072594	establishment of protein localization to organelle	512	50	25.11	0.00443
26	GO :0006886	intracellular protein transport	873	71	42.81	0.00482
27	GO :0016032	viral process	665	59	32.61	0.00527
28	GO :0033483	gas homeostasis	8	3	0.39	0.00546

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
29	GO :0032930	positive regulation of superoxide anion generation	8	3	0.39	0.00546
30	GO :0002183	cytoplasmic translational initiation	8	3	0.39	0.00546
31	GO :0008088	axon cargo transport	34	6	1.67	0.00563
32	GO :0016180	snRNA processing	16	4	0.78	0.00650
33	GO :2000113	negative regulation of cellular macromolecule biosynthetic process	955	66	46.83	0.00743
34	GO :0030518	intracellular steroid hormone receptor signaling pathway	110	12	5.39	0.00757
35	GO :0006099	tricarboxylic acid cycle	26	5	1.27	0.00778

Groupe 8 (effectif = 719)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0016579	protein deubiquitination	79	12	2.97	3.6e-05
2	GO :0006355	regulation of transcription, DNA-templated	2567	130	96.65	0.00010
3	GO :0050658	RNA transport	134	14	5.05	0.00052
4	GO :0008380	RNA splicing	317	30	11.94	0.00079
5	GO :0061136	regulation of proteasomal protein catabolic process	178	16	6.70	0.00112
6	GO :2001020	regulation of response to DNA damage stimulus	117	12	4.41	0.00150
7	GO :0042254	ribosome biogenesis	174	15	6.55	0.00240
8	GO :0010603	regulation of cytoplasmic mRNA processing body assembly	8	3	0.30	0.00258
9	GO :0000381	regulation of alternative mRNA splicing, via spliceosome	27	5	1.02	0.00301
10	GO :0006400	tRNA modification	39	6	1.47	0.00313
11	GO :0051204	protein insertion into mitochondrial membrane	28	5	1.05	0.00355
12	GO :0006511	ubiquitin-dependent protein catabolic process	450	34	16.94	0.00359
13	GO :0006281	DNA repair	393	26	14.80	0.00384
14	GO :0043161	proteasome-mediated ubiquitin-dependent protein catabolic process	334	23	12.58	0.00392
15	GO :0008156	negative regulation of DNA replication	41	6	1.54	0.00405
16	GO :0010629	negative regulation of gene expression	1066	60	40.14	0.00444
17	GO :0006412	translation	494	35	18.60	0.00450
18	GO :0006397	mRNA processing	394	35	14.83	0.00475
19	GO :2001242	regulation of intrinsic apoptotic signaling pathway	135	12	5.08	0.00494
20	GO :0006446	regulation of translational initiation	71	8	2.67	0.00506
21	GO :1900102	negative regulation of endoplasmic reticulum unfolded protein response	10	3	0.38	0.00522
22	GO :0000244	spliceosomal tri-snRNP complex assembly	10	3	0.38	0.00522

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
23	GO :0071236	cellular response to antibiotic	10	3	0.38	0.00522
24	GO :0016568	chromatin modification	508	31	19.13	0.00556
25	GO :0051253	negative regulation of RNA metabo- lic process	907	49	34.15	0.00646
26	GO :0031397	negative regulation of protein ubi- quitination	106	10	3.99	0.00656
27	GO :0002903	negative regulation of B cell apop- totic process	11	3	0.41	0.00698
28	GO :0080111	DNA demethylation	11	3	0.41	0.00698
29	GO :0006368	transcription elongation from RNA polymerase II promoter	76	8	2.86	0.00762
30	GO :0006913	nucleocytoplasmic transport	416	26	15.66	0.00794
31	GO :0035195	gene silencing by miRNA	34	5	1.28	0.00836
32	GO :0031398	positive regulation of protein ubi- quitination	146	12	5.50	0.00909
33	GO :0034605	cellular response to heat	63	7	2.37	0.00919
34	GO :0031124	mRNA 3'-end processing	95	9	3.58	0.00943
35	GO :0032774	RNA biosynthetic process	2801	145	105.46	0.00974

Groupe 9 (effectif = 707)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0006614	SRP-dependent cotranslational pro- tein targeting to membrane	103	20	3.42	1.3e-10
2	GO :0019083	viral transcription	167	23	5.54	6.7e-09
3	GO :0006414	translational elongation	176	23	5.84	1.8e-08
4	GO :0000184	nuclear-transcribed mRNA catabo- lic process, nonsense-mediated de- cay	111	18	3.68	2.3e-08
5	GO :0006415	translational termination	153	17	5.08	1.3e-05
6	GO :0006413	translational initiation	232	24	7.70	3.0e-05
7	GO :0010388	cullin deneddylation	9	4	0.30	0.00013
8	GO :0000398	mRNA splicing, via spliceosome	222	19	7.37	0.00015
9	GO :0006364	rRNA processing	128	13	4.25	0.00032
10	GO :0031295	T cell costimulation	56	8	1.86	0.00048
11	GO :0044238	primary metabolic process	7664	304	254.28	0.00053
12	GO :0010827	regulation of glucose transport	82	9	2.72	0.00154
13	GO :0001731	formation of translation preinitia- tion complex	16	4	0.53	0.00158
14	GO :0034770	histone H4-K20 methylation	8	3	0.27	0.00179
15	GO :0006974	cellular response to DNA damage stimulus	629	35	20.87	0.00188
16	GO :0039694	viral RNA genome replication	10	3	0.33	0.00366
17	GO :0019043	establishment of viral latency	10	3	0.33	0.00366
18	GO :0016568	chromatin modification	508	31	16.85	0.00437
19	GO :0009312	oligosaccharide biosynthetic process	11	3	0.36	0.00490
20	GO :0006461	protein complex assembly	991	48	32.88	0.00498

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
21	GO :0040014	regulation of multicellular organism growth	64	7	2.12	0.00512
22	GO :0002831	regulation of response to biotic stimulus	100	9	3.32	0.00592
23	GO :0007063	regulation of sister chromatid cohesion	12	3	0.40	0.00638
24	GO :0044260	cellular macromolecule metabolic process	6180	254	205.05	0.00644
25	GO :0022402	cell cycle process	1050	52	34.84	0.00655
26	GO :0034622	cellular macromolecular complex assembly	630	36	20.90	0.00675
27	GO :0071704	organic substance metabolic process	7931	313	263.14	0.00742
28	GO :0000278	mitotic cell cycle	836	41	27.74	0.00755
29	GO :0042147	retrograde transport, endosome to Golgi	53	6	1.76	0.00791
30	GO :0050857	positive regulation of antigen receptor-mediated signaling pathway	13	3	0.43	0.00809

Groupe 10 (effectif = 710)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0006167	AMP biosynthetic process	6	3	0.20	0.00066
2	GO :0000184	nuclear-transcribed mRNA catabolic process, nonsense-mediated decay	111	11	3.66	0.00106
3	GO :0051354	negative regulation of oxidoreductase activity	20	4	0.66	0.00369
4	GO :0046112	nucleobase biosynthetic process	11	3	0.36	0.00480
5	GO :0006004	fucose metabolic process	12	3	0.40	0.00625
6	GO :0006614	SRP-dependent cotranslational protein targeting to membrane	103	9	3.39	0.00684
7	GO :0000723	telomere maintenance	68	7	2.24	0.00687
8	GO :0016568	chromatin modification	508	32	16.73	0.00744
9	GO :0006479	protein methylation	124	10	4.08	0.00781
10	GO :0006221	pyrimidine nucleotide biosynthetic process	25	4	0.82	0.00847
11	GO :0019083	viral transcription	167	12	5.50	0.00924
12	GO :0016567	protein ubiquitination	603	31	19.86	0.00933
13	GO :0016570	histone modification	342	20	11.26	0.00947
14	GO :0010468	regulation of gene expression	3100	123	102.10	0.00972
15	GO :0043928	exonucleolytic nuclear-transcribed mRNA catabolic process involved in deadenylation-dependent decay	26	4	0.86	0.00976

Groupe 11 (effectif = 1225)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0000184	nuclear-transcribed mRNA catabolic process, nonsense-mediated decay	111	22	7.05	1.5e-06
2	GO :0019083	viral transcription	167	28	10.61	2.0e-06
3	GO :0006614	SRP-dependent cotranslational protein targeting to membrane	103	19	6.54	2.2e-05
4	GO :0006413	translational initiation	232	32	14.73	2.7e-05
5	GO :0031124	mRNA 3'-end processing	95	16	6.03	0.00029
6	GO :0006406	mRNA export from nucleus	68	13	4.32	0.00030
7	GO :0008380	RNA splicing	317	36	20.13	0.00049
8	GO :0006984	ER-nucleus signaling pathway	26	7	1.65	0.00092
9	GO :1901991	negative regulation of mitotic cell cycle phase transition	138	19	8.76	0.00114
10	GO :0006995	cellular response to nitrogen starvation	14	5	0.89	0.00126
11	GO :0006415	translational termination	153	20	9.72	0.00163
12	GO :2001251	negative regulation of chromosome organization	91	14	5.78	0.00171
13	GO :0008033	tRNA processing	91	14	5.78	0.00171
14	GO :0016567	protein ubiquitination	603	62	38.30	0.00175
15	GO :0006414	translational elongation	176	22	11.18	0.00176
16	GO :0032981	mitochondrial respiratory chain complex I assembly	15	5	0.95	0.00179
17	GO :0006281	DNA repair	393	40	24.96	0.00208
18	GO :0006996	organelle organization	2827	233	179.55	0.00226
19	GO :0097052	L-kynurenine metabolic process	5	3	0.32	0.00232
20	GO :0010606	positive regulation of cytoplasmic mRNA processing body assembly	5	3	0.32	0.00232
21	GO :0043984	histone H4-K16 acetylation	16	5	1.02	0.00247
22	GO :0000042	protein targeting to Golgi	10	4	0.64	0.00249
23	GO :0040029	regulation of gene expression, epigenetic	205	24	13.02	0.00272
24	GO :0051306	mitotic sister chromatid separation	57	10	3.62	0.00286
25	GO :0014733	regulation of skeletal muscle adaptation	11	4	0.70	0.00372
26	GO :0015031	protein transport	1531	135	97.24	0.00404
27	GO :0006417	regulation of translation	248	27	15.75	0.00428
28	GO :0044804	nucleophagy	18	5	1.14	0.00436
29	GO :0071826	ribonucleoprotein complex subunit organization	151	21	9.59	0.00495
30	GO :0071479	cellular response to ionizing radiation	43	8	2.73	0.00509
31	GO :0044773	mitotic DNA damage checkpoint	92	13	5.84	0.00524
32	GO :0071577	zinc II ion transmembrane transport	12	4	0.76	0.00530
33	GO :0035493	SNARE complex assembly	12	4	0.76	0.00530
34	GO :2000060	positive regulation of protein ubiquitination involved in ubiquitin-dependent protein catabolic process	83	12	5.27	0.00596

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
35	GO :0090503	RNA phosphodiester bond hydrolysis, exonucleolytic	27	6	1.71	0.00603
36	GO :0072665	protein localization to vacuole	27	6	1.71	0.00603
37	GO :0000082	G1/S transition of mitotic cell cycle	219	24	13.91	0.00629
38	GO :0006890	retrograde vesicle-mediated transport, Golgi to ER	28	6	1.78	0.00727
39	GO :0047496	vesicle transport along microtubule	13	4	0.83	0.00727
40	GO :0002329	pre-B cell differentiation	7	3	0.44	0.00736
41	GO :0061687	detoxification of inorganic compound	7	3	0.44	0.00736
42	GO :0006531	aspartate metabolic process	7	3	0.44	0.00736
43	GO :0007077	mitotic nuclear envelope disassembly	37	7	2.35	0.00783
44	GO :0071156	regulation of cell cycle arrest	97	13	6.16	0.00818
45	GO :0033047	regulation of mitotic sister chromatid segregation	56	9	3.56	0.00824
46	GO :0046483	heterocycle metabolic process	4450	353	282.63	0.00849

Groupe 12 (effectif = 1098)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0019083	viral transcription	167	29	9.97	1.7e-07
2	GO :0006614	SRP-dependent cotranslational protein targeting to membrane	103	20	6.15	2.4e-06
3	GO :0006415	translational termination	153	25	9.13	3.8e-06
4	GO :0006414	translational elongation	176	29	10.51	1.9e-05
5	GO :0006413	translational initiation	232	31	13.85	2.0e-05
6	GO :0006417	regulation of translation	248	35	14.80	3.9e-05
7	GO :0000184	nuclear-transcribed mRNA catabolic process, nonsense-mediated decay	111	18	6.63	9.4e-05
8	GO :0008380	RNA splicing	317	45	18.92	0.00037
9	GO :0006397	mRNA processing	394	52	23.52	0.00042
10	GO :0006406	mRNA export from nucleus	68	12	4.06	0.00062
11	GO :0051052	regulation of DNA metabolic process	244	28	14.56	0.00067
12	GO :0000398	mRNA splicing, via spliceosome	222	30	13.25	0.00070
13	GO :0055114	oxidation-reduction process	887	76	52.94	0.00078
14	GO :0006893	Golgi to plasma membrane transport	43	9	2.57	0.00082
15	GO :0022618	ribonucleoprotein complex assembly	144	19	8.60	0.00092
16	GO :0030433	ER-associated ubiquitin-dependent protein catabolic process	44	9	2.63	0.00098
17	GO :0043161	proteasome-mediated ubiquitin-dependent protein catabolic process	334	40	19.94	0.00101
18	GO :0006886	intracellular protein transport	873	86	52.11	0.00105
19	GO :0090239	regulation of histone H4 acetylation	9	4	0.54	0.00125

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
20	GO :0006888	ER to Golgi vesicle-mediated transport	59	10	3.52	0.00236
21	GO :0031123	RNA 3'-end processing	113	15	6.74	0.00288
22	GO :0006448	regulation of translational elongation	18	5	1.07	0.00334
23	GO :0006984	ER-nucleus signaling pathway	26	6	1.55	0.00364
24	GO :0033146	regulation of intracellular estrogen receptor signaling pathway	26	6	1.55	0.00364
25	GO :0000712	resolution of meiotic recombination intermediates	6	3	0.36	0.00370
26	GO :0006364	rRNA processing	128	16	7.64	0.00392
27	GO :0000380	alternative mRNA splicing, via spliceosome	35	7	2.09	0.00406
28	GO :1901679	nucleotide transmembrane transport	12	4	0.72	0.00424
29	GO :0051570	regulation of histone H3-K9 methylation	12	4	0.72	0.00424
30	GO :0042273	ribosomal large subunit biogenesis	19	5	1.13	0.00431
31	GO :0006354	DNA-templated transcription, elongation	107	14	6.39	0.00447
32	GO :0061136	regulation of proteasomal protein catabolic process	178	20	10.62	0.00473
33	GO :0031396	regulation of protein ubiquitination	203	22	12.12	0.00486
34	GO :0009108	coenzyme biosynthetic process	97	13	5.79	0.00492
35	GO :0006289	nucleotide-excision repair	77	11	4.60	0.00577
36	GO :1903322	positive regulation of protein modification by small protein conjugation or removal	157	18	9.37	0.00581
37	GO :0031061	negative regulation of histone methylation	13	4	0.78	0.00583
38	GO :0006383	transcription from RNA polymerase III promoter	47	8	2.81	0.00614
39	GO :0035372	protein localization to microtubule	7	3	0.42	0.00618
40	GO :2000109	regulation of macrophage apoptotic process	7	3	0.42	0.00618

Groupe 13 (effectif = 791)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0022904	respiratory electron transport chain	114	22	3.94	4.3e-08
2	GO :0000398	mRNA splicing, via spliceosome	222	25	7.67	1.0e-05
3	GO :0006099	tricarboxylic acid cycle	26	7	0.90	2.1e-05
4	GO :0006271	DNA strand elongation involved in DNA replication	29	7	1.00	4.5e-05
5	GO :0016584	nucleosome positioning	7	4	0.24	4.5e-05
6	GO :0006369	termination of RNA polymerase II transcription	42	8	1.45	8.0e-05
7	GO :0006465	signal peptide processing	8	4	0.28	8.8e-05

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
8	GO :0016973	poly(A)+ mRNA export from nucleus	9	4	0.31	0.00015
9	GO :0006406	mRNA export from nucleus	68	13	2.35	0.00016
10	GO :0006120	mitochondrial electron transport, NADH to ubiquinone	47	8	1.62	0.00018
11	GO :0042776	mitochondrial ATP synthesis coupled proton transport	18	5	0.62	0.00028
12	GO :0016032	viral process	665	45	22.98	0.00040
13	GO :0031124	mRNA 3'-end processing	95	13	3.28	0.00064
14	GO :0006888	ER to Golgi vesicle-mediated transport	59	10	2.04	0.00090
15	GO :0006342	chromatin silencing	47	7	1.62	0.00107
16	GO :0010988	regulation of low-density lipoprotein particle clearance	7	3	0.24	0.00129
17	GO :0051571	positive regulation of histone H3-K4 methylation	15	4	0.52	0.00142
18	GO :0050658	RNA transport	134	21	4.63	0.00161
19	GO :0010948	negative regulation of cell cycle process	204	16	7.05	0.00193
20	GO :0006890	retrograde vesicle-mediated transport, Golgi to ER	28	5	0.97	0.00245
21	GO :0006297	nucleotide-excision repair, DNA gap filling	18	4	0.62	0.00293
22	GO :0046185	aldehyde catabolic process	9	3	0.31	0.00295
23	GO :0006283	transcription-coupled nucleotide-excision repair	42	6	1.45	0.00300
24	GO :0006259	DNA metabolic process	824	50	28.48	0.00306
25	GO :0006354	DNA-templated transcription, elongation	107	10	3.70	0.00387
26	GO :0065004	protein-DNA complex assembly	107	10	3.70	0.00387
27	GO :0060213	positive regulation of nuclear-transcribed mRNA poly(A) tail shortening	10	3	0.35	0.00410
28	GO :0035646	endosome to melanosome transport	10	3	0.35	0.00410
29	GO :0008380	RNA splicing	317	34	10.96	0.00418
30	GO :0000245	spliceosomal complex assembly	45	6	1.56	0.00428
31	GO :0006397	mRNA processing	394	39	13.62	0.00493
32	GO :0019083	viral transcription	167	13	5.77	0.00528
33	GO :0010510	regulation of acetyl-CoA biosynthetic process from pyruvate	11	3	0.38	0.00550
34	GO :0006744	ubiquinone biosynthetic process	11	3	0.38	0.00550
35	GO :0008334	histone mRNA metabolic process	22	4	0.76	0.00628
36	GO :0032438	melanosome organization	22	4	0.76	0.00628
37	GO :0006312	mitotic recombination	35	5	1.21	0.00665
38	GO :0006412	translation	494	28	17.07	0.00703
39	GO :0032201	telomere maintenance via semi-conservative replication	23	4	0.79	0.00739
40	GO :0009063	cellular amino acid catabolic process	101	9	3.49	0.00817
41	GO :0007077	mitotic nuclear envelope disassembly	37	5	1.28	0.00844

Groupe 14 (effectif = 900)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0006413	translational initiation	232	41	11.72	4.2e-10
2	GO :0006415	translational termination	153	28	7.73	6.6e-07
3	GO :0006614	SRP-dependent cotranslational protein targeting to membrane	103	18	5.20	3.5e-06
4	GO :0000184	nuclear-transcribed mRNA catabolic process, nonsense-mediated decay	111	18	5.61	1.0e-05
5	GO :0000398	mRNA splicing, via spliceosome	222	33	11.21	2.7e-05
6	GO :0070125	mitochondrial translational elongation	68	12	3.43	0.00013
7	GO :0008033	tRNA processing	91	14	4.60	0.00018
8	GO :0051973	positive regulation of telomerase activity	7	4	0.35	0.00020
9	GO :0019083	viral transcription	167	23	8.43	0.00029
10	GO :0032968	positive regulation of transcription elongation from RNA polymerase II promoter	13	5	0.66	0.00030
11	GO :0008334	histone mRNA metabolic process	22	6	1.11	0.00060
12	GO :0070124	mitochondrial translational initiation	69	11	3.48	0.00063
13	GO :0070126	mitochondrial translational termination	69	11	3.48	0.00063
14	GO :0006888	ER to Golgi vesicle-mediated transport	59	10	2.98	0.00067
15	GO :0072384	organelle transport along microtubule	31	7	1.57	0.00074
16	GO :0006414	translational elongation	176	29	8.89	0.00087
17	GO :0006369	termination of RNA polymerase II transcription	42	8	2.12	0.00104
18	GO :0006283	transcription-coupled nucleotide-excision repair	42	8	2.12	0.00104
19	GO :0006987	activation of signaling protein activity involved in unfolded protein response	63	10	3.18	0.00114
20	GO :0032212	positive regulation of telomere maintenance via telomerase	5	3	0.25	0.00119
21	GO :0042147	retrograde transport, endosome to Golgi	53	9	2.68	0.00121
22	GO :0006891	intra-Golgi vesicle-mediated transport	31	9	1.57	0.00156
23	GO :0006635	fatty acid beta-oxidation	55	9	2.78	0.00159
24	GO :0000956	nuclear-transcribed mRNA catabolic process	172	30	8.69	0.00223
25	GO :0006578	amino-acid betaine biosynthetic process	6	3	0.30	0.00229
26	GO :0006450	regulation of translational fidelity	12	4	0.61	0.00230
27	GO :0006607	NLS-bearing protein import into nucleus	12	4	0.61	0.00230

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
28	GO :0006754	ATP biosynthetic process	38	7	1.92	0.00260
29	GO :0006458	'de novo' protein folding	49	8	2.47	0.00291
30	GO :0031124	mRNA 3'-end processing	95	15	4.80	0.00317
31	GO :0000301	retrograde transport, vesicle recycling within Golgi	13	4	0.66	0.00319
32	GO :0006368	transcription elongation from RNA polymerase II promoter	76	14	3.84	0.00396
33	GO :0051647	nucleus localization	22	5	1.11	0.00415
34	GO :1901361	organic cyclic compound catabolic process	429	57	21.66	0.00465
35	GO :1903312	negative regulation of mRNA metabolic process	32	6	1.62	0.00476
36	GO :0016032	viral process	665	61	33.58	0.00489
37	GO :0006364	rRNA processing	128	14	6.46	0.00518
38	GO :0000737	DNA catabolic process, endonucleolytic	54	8	2.73	0.00538
39	GO :0000387	spliceosomal snRNP assembly	33	6	1.67	0.00558
40	GO :0019439	aromatic compound catabolic process	403	55	20.35	0.00562
41	GO :0001711	endodermal cell fate commitment	15	4	0.76	0.00563
42	GO :0009057	macromolecule catabolic process	961	89	48.53	0.00563
43	GO :0071218	cellular response to misfolded protein	8	3	0.40	0.00593
44	GO :0019827	stem cell maintenance	144	15	7.27	0.00611
45	GO :0006378	mRNA polyadenylation	34	6	1.72	0.00649
46	GO :0006406	mRNA export from nucleus	68	9	3.43	0.00691
47	GO :0000380	alternative mRNA splicing, via spliceosome	35	6	1.77	0.00751
48	GO :0006417	regulation of translation	248	25	12.52	0.00791
49	GO :0090161	Golgi ribbon formation	9	3	0.45	0.00856
50	GO :0016559	peroxisome fission	9	3	0.45	0.00856
51	GO :0009060	aerobic respiration	47	7	2.37	0.00876
52	GO :0010507	negative regulation of autophagy	26	5	1.31	0.00879
53	GO :0070979	protein K11-linked ubiquitination	26	5	1.31	0.00879

Groupe 15 (effectif = 439)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0038096	Fc-gamma receptor signaling pathway involved in phagocytosis	66	10	1.33	7.0e-07
2	GO :0010606	positive regulation of cytoplasmic mRNA processing body assembly	5	3	0.10	7.8e-05
3	GO :0060789	hair follicle placode formation	6	3	0.12	0.00015
4	GO :1900026	positive regulation of substrate adhesion-dependent cell spreading	27	5	0.54	0.00018
5	GO :0000289	nuclear-transcribed mRNA poly(A) tail shortening	31	5	0.62	0.00035
6	GO :0016567	protein ubiquitination	603	27	12.11	0.00056

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
7	GO :0010561	negative regulation of glycoprotein biosynthetic process	9	3	0.18	0.00061
8	GO :0019827	stem cell maintenance	144	10	2.89	0.00065
9	GO :0010592	positive regulation of lamellipodium assembly	10	3	0.20	0.00087
10	GO :0021819	layer formation in cerebral cortex	11	3	0.22	0.00117
11	GO :0000186	activation of MAPKK activity	60	6	1.21	0.00125
12	GO :0034314	Arp2/3 complex-mediated actin nucleation	28	4	0.56	0.00223
13	GO :0031401	positive regulation of protein modification process	830	33	16.67	0.00253
14	GO :0016239	positive regulation of macroautophagy	15	3	0.30	0.00305
15	GO :0009896	positive regulation of catabolic process	287	16	5.76	0.00310
16	GO :0010628	positive regulation of gene expression	1277	46	25.65	0.00316
17	GO :0070933	histone H4 deacetylation	16	3	0.32	0.00369
18	GO :0007507	heart development	409	17	8.22	0.00373
19	GO :0045944	positive regulation of transcription from RNA polymerase II promoter	816	28	16.39	0.00380
20	GO :0030072	peptide hormone secretion	213	11	4.28	0.00386
21	GO :0061197	fungiform papilla morphogenesis	5	2	0.10	0.00386
22	GO :0001568	blood vessel development	493	21	9.90	0.00398
23	GO :0033572	transferrin transport	33	4	0.66	0.00411
24	GO :0048489	synaptic vesicle transport	103	7	2.07	0.00468
25	GO :0032469	endoplasmic reticulum calcium ion homeostasis	18	3	0.36	0.00523
26	GO :0016925	protein sumoylation	36	4	0.72	0.00565
27	GO :0072393	microtubule anchoring at microtubule organizing center	6	2	0.12	0.00571
28	GO :0051683	establishment of Golgi localization	6	2	0.12	0.00571
29	GO :0007409	axonogenesis	499	19	10.02	0.00572
30	GO :0012501	programmed cell death	1542	45	30.97	0.00601
31	GO :0031047	gene silencing by RNA	58	5	1.16	0.00605
32	GO :0042059	negative regulation of epidermal growth factor receptor signaling pathway	37	4	0.74	0.00624
33	GO :0048013	ephrin receptor signaling pathway	83	6	1.67	0.00643
34	GO :0050684	regulation of mRNA processing	85	6	1.71	0.00721
35	GO :0002573	myeloid leukocyte differentiation	170	9	3.41	0.00738
36	GO :0061647	histone H3-K9 modification	39	4	0.78	0.00753
37	GO :0031647	regulation of protein stability	141	8	2.83	0.00758
38	GO :0016236	macroautophagy	77	8	1.55	0.00766
39	GO :1902582	single-organism intracellular transport	1226	37	24.63	0.00767
40	GO :0048293	regulation of isotype switching to IgE isotypes	7	2	0.14	0.00789
41	GO :0045719	negative regulation of glycogen biosynthetic process	7	2	0.14	0.00789
42	GO :0061157	mRNA destabilization	7	2	0.14	0.00789
43	GO :0090051	negative regulation of cell migration involved in sprouting angiogenesis	7	2	0.14	0.00789

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
44	GO :0060440	trachea formation	7	2	0.14	0.00789
45	GO :0071481	cellular response to X-ray	7	2	0.14	0.00789
46	GO :1903358	regulation of Golgi organization	7	2	0.14	0.00789
47	GO :0060215	primitive hemopoiesis	7	2	0.14	0.00789
48	GO :0015031	protein transport	1531	52	30.75	0.00815
49	GO :0040029	regulation of gene expression, epige- netic	205	10	4.12	0.00849
50	GO :0045935	positive regulation of nucleobase- containing compound metabolic process	1324	46	26.59	0.00850
51	GO :0048538	thymus development	41	4	0.82	0.00898
52	GO :0010629	negative regulation of gene expres- sion	1066	36	21.41	0.00906
53	GO :0048010	vascular endothelial growth factor receptor signaling pathway	117	7	2.35	0.00926
54	GO :0051647	nucleus localization	22	3	0.44	0.00930
55	GO :0060334	regulation of interferon-gamma- mediated signaling pathway	22	3	0.44	0.00930
56	GO :0010390	histone monoubiquitination	22	3	0.44	0.00930

Groupe 16 (effectif = 107)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0045061	thymic T cell selection	17	3	0.09	9.1e-05
2	GO :0043547	positive regulation of GTPase acti- vity	385	8	2.04	0.00091
3	GO :0042119	neutrophil activation	20	4	0.11	0.00113
4	GO :0043312	neutrophil degranulation	10	2	0.05	0.00120
5	GO :0046629	gamma-delta T cell activation	10	2	0.05	0.00120
6	GO :0050852	T cell receptor signaling pathway	93	4	0.49	0.00146
7	GO :0046847	filopodium assembly	43	3	0.23	0.00150
8	GO :0045948	positive regulation of translational initiation	14	2	0.07	0.00240
9	GO :0030593	neutrophil chemotaxis	53	3	0.28	0.00273
10	GO :0045954	positive regulation of natural killer cell mediated cytotoxicity	15	2	0.08	0.00276
11	GO :0031295	T cell costimulation	56	3	0.30	0.00320
12	GO :0021854	hypothalamus development	17	2	0.09	0.00355
13	GO :0002691	regulation of cellular extravasation	17	2	0.09	0.00355
14	GO :1901385	regulation of voltage-gated calcium channel activity	18	2	0.10	0.00399
15	GO :0030335	positive regulation of cell migration	289	6	1.53	0.00413
16	GO :0017157	regulation of exocytosis	131	4	0.69	0.00504
17	GO :0033032	regulation of myeloid cell apoptotic process	21	2	0.11	0.00542
18	GO :0048791	calcium ion-dependent exocytosis of neurotransmitter	21	2	0.11	0.00542
19	GO :1903708	positive regulation of hemopoiesis	140	4	0.74	0.00637

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
20	GO :0032689	negative regulation of interferon-gamma production	23	2	0.12	0.00648
21	GO :0070555	response to interleukin-1	74	3	0.39	0.00700
22	GO :0043114	regulation of vascular permeability	24	2	0.13	0.00704
23	GO :0043370	regulation of CD4-positive, alpha-beta T cell differentiation	25	2	0.13	0.00763
24	GO :0032350	regulation of hormone metabolic process	27	2	0.14	0.00887
25	GO :0030325	adrenal gland development	27	2	0.14	0.00887
26	GO :0045597	positive regulation of cell differentiation	680	9	3.59	0.00912
27	GO :0031347	regulation of defense response	480	9	2.54	0.00946
28	GO :0014065	phosphatidylinositol 3-kinase signaling	83	3	0.44	0.00959

Groupe 17 (effectif = 261)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0043547	positive regulation of GTPase activity	385	13	4.20	0.00029
2	GO :0007175	negative regulation of epidermal growth factor-activated receptor activity	5	2	0.05	0.00115
3	GO :0045838	positive regulation of membrane potential	21	3	0.23	0.00146
4	GO :0042982	amyloid precursor protein metabolic process	26	3	0.28	0.00274
5	GO :0002090	regulation of receptor internalization	26	3	0.28	0.00274
6	GO :0045851	pH reduction	28	3	0.31	0.00340
7	GO :0001921	positive regulation of receptor recycling	9	2	0.10	0.00404
8	GO :1900121	negative regulation of receptor binding	9	2	0.10	0.00404
9	GO :0000186	activation of MAPKK activity	60	4	0.65	0.00410
10	GO :0015031	protein transport	1531	30	16.68	0.00415
11	GO :0002031	G-protein coupled receptor internalization	10	2	0.11	0.00501
12	GO :0007219	Notch signaling pathway	147	6	1.60	0.00541
13	GO :0033572	transferrin transport	33	3	0.36	0.00544
14	GO :0036035	osteoclast development	11	2	0.12	0.00608
15	GO :0050817	coagulation	480	12	5.23	0.00616
16	GO :0007599	hemostasis	481	12	5.24	0.00626
17	GO :0000045	autophagic vacuole assembly	49	5	0.53	0.00668
18	GO :0038032	termination of G-protein coupled receptor signaling pathway	37	3	0.40	0.00750
19	GO :0006509	membrane protein ectodomain proteolysis	38	3	0.41	0.00808

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
20	GO :2000785	regulation of autophagic vacuole assembly	13	2	0.14	0.00850

Groupe 18 (effectif = 436)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0022904	respiratory electron transport chain	114	13	2.14	3e-05
2	GO :0005979	regulation of glycogen biosynthetic process	28	4	0.53	0.0017
3	GO :0031329	regulation of cellular catabolic process	554	21	10.41	0.0018
4	GO :0006120	mitochondrial electron transport, NADH to ubiquinone	47	5	0.88	0.0018
5	GO :0001666	response to hypoxia	239	12	4.49	0.0019
6	GO :0031124	mRNA 3'-end processing	95	7	1.78	0.0021
7	GO :0046034	ATP metabolic process	124	11	2.33	0.0029
8	GO :0051534	negative regulation of NFAT protein import into nucleus	5	2	0.09	0.0034
9	GO :1901606	alpha-amino acid catabolic process	82	6	1.54	0.0044
10	GO :0006551	leucine metabolic process	6	2	0.11	0.0050
11	GO :0031929	TOR signaling	61	5	1.15	0.0057
12	GO :0033173	calcineurin-NFAT signaling cascade	20	3	0.38	0.0059
13	GO :0003012	muscle system process	312	13	5.86	0.0061
14	GO :0034605	cellular response to heat	63	5	1.18	0.0065
15	GO :2000425	regulation of apoptotic cell clearance	7	2	0.13	0.0069
16	GO :0071481	cellular response to X-ray	7	2	0.13	0.0069
17	GO :0050810	regulation of steroid biosynthetic process	41	4	0.77	0.0071
18	GO :1902600	hydrogen ion transmembrane transport	91	6	1.71	0.0073
19	GO :0045814	negative regulation of gene expression, epigenetic	92	6	1.73	0.0077
20	GO :0006369	termination of RNA polymerase II transcription	42	4	0.79	0.0078
21	GO :0008631	intrinsic apoptotic signaling pathway in response to oxidative stress	42	4	0.79	0.0078
22	GO :0051592	response to calcium ion	94	6	1.77	0.0085
23	GO :0006406	mRNA export from nucleus	68	5	1.28	0.0089
24	GO :0051533	positive regulation of NFAT protein import into nucleus	8	2	0.15	0.0091
25	GO :0032933	SREBP signaling pathway	8	2	0.15	0.0091
26	GO :0010952	positive regulation of peptidase activity	125	7	2.35	0.0092

Groupe 19 (effectif = 334)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0000959	mitochondrial RNA metabolic process	18	3	0.24	0.0017
2	GO :0071320	cellular response to cAMP	41	4	0.56	0.0022
3	GO :0046839	phospholipid dephosphorylation	21	3	0.29	0.0027
4	GO :0018279	protein N-linked glycosylation via asparagine	104	6	1.41	0.0029
5	GO :0048311	mitochondrion distribution	8	2	0.11	0.0049
6	GO :0006661	phosphatidylinositol biosynthetic process	87	5	1.18	0.0066
7	GO :0046627	negative regulation of insulin receptor signaling pathway	29	3	0.39	0.0069
8	GO :0060315	negative regulation of ryanodine-sensitive calcium-release channel activity	10	2	0.14	0.0077
9	GO :0043687	post-translational protein modification	211	8	2.87	0.0081
10	GO :0046085	adenosine metabolic process	11	2	0.15	0.0093
11	GO :1901642	nucleoside transmembrane transport	11	2	0.15	0.0093

Groupe 20 (effectif = 682)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0002479	antigen processing and presentation of exogenous peptide antigen via MHC class I, TAP-dependent	68	15	2.20	3.1e-09
2	GO :0070125	mitochondrial translational elongation	68	15	2.20	3.1e-09
3	GO :0070126	mitochondrial translational termination	69	15	2.23	3.8e-09
4	GO :0070124	mitochondrial translational initiation	69	14	2.23	3.3e-08
5	GO :0006521	regulation of cellular amino acid metabolic process	60	13	1.94	4.4e-08
6	GO :0006977	DNA damage response, signal transduction by p53 class mediator resulting in cell cycle arrest	62	13	2.00	6.7e-08
7	GO :0051437	positive regulation of ubiquitin-protein ligase activity involved in regulation of mitotic cell cycle transition	69	13	2.23	2.5e-07
8	GO :0000209	protein polyubiquitination	184	21	5.94	5.0e-07
9	GO :0006457	protein folding	186	21	6.00	6.0e-07
10	GO :0090263	positive regulation of canonical Wnt signaling pathway	115	16	3.71	8.3e-07

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
11	GO :0051436	negative regulation of ubiquitin-protein ligase activity involved in mitotic cell cycle	65	12	2.10	9.3e-07
12	GO :0018279	protein N-linked glycosylation via asparagine	104	14	3.36	6.0e-06
13	GO :0031145	anaphase-promoting complex-dependent proteasomal ubiquitin-dependent protein catabolic process	111	14	3.58	1.3e-05
14	GO :0006099	tricarboxylic acid cycle	26	7	0.84	1.3e-05
15	GO :0006103	2-oxoglutarate metabolic process	16	5	0.52	0.00011
16	GO :0090090	negative regulation of canonical Wnt signaling pathway	135	14	4.36	0.00012
17	GO :0006890	retrograde vesicle-mediated transport, Golgi to ER	28	6	0.90	0.00022
18	GO :0034314	Arp2/3 complex-mediated actin nucleation	28	6	0.90	0.00022
19	GO :0006412	translation	494	43	15.95	0.00030
20	GO :0030970	retrograde protein transport, ER to cytosol	5	3	0.16	0.00032
21	GO :0000398	mRNA splicing, via spliceosome	222	22	7.17	0.00036
22	GO :0030433	ER-associated ubiquitin-dependent protein catabolic process	44	7	1.42	0.00047
23	GO :0000387	spliceosomal snRNP assembly	33	6	1.07	0.00058
24	GO :0045454	cell redox homeostasis	61	8	1.97	0.00072
25	GO :0034976	response to endoplasmic reticulum stress	163	14	5.26	0.00081
26	GO :0002098	tRNA wobble uridine modification	7	3	0.23	0.00106
27	GO :0022904	respiratory electron transport chain	114	14	3.68	0.00126
28	GO :0016032	viral process	665	39	21.47	0.00138
29	GO :0006734	NADH metabolic process	8	3	0.26	0.00166
30	GO :0015031	protein transport	1531	77	49.43	0.00304
31	GO :0018198	peptidyl-cysteine modification	20	4	0.65	0.00344
32	GO :0022613	ribonucleoprotein complex biogenesis	289	23	9.33	0.00350

Groupe 21 (effectif = 159)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0046498	S-adenosylhomocysteine metabolic process	7	2	0.04	0.00060
2	GO :0038166	angiotensin-activated signaling pathway	8	2	0.04	0.00080
3	GO :0055114	oxidation-reduction process	887	13	4.83	0.00086
4	GO :0000302	response to reactive oxygen species	174	5	0.95	0.00255
5	GO :0061512	protein localization to cilium	15	2	0.08	0.00293
6	GO :0020027	hemoglobin metabolic process	15	2	0.08	0.00293
7	GO :0046500	S-adenosylmethionine metabolic process	15	2	0.08	0.00293

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
8	GO :0051900	regulation of mitochondrial depolarization	16	2	0.09	0.00334
9	GO :0071498	cellular response to fluid shear stress	17	2	0.09	0.00377
10	GO :0042347	negative regulation of NF-kappaB import into nucleus	20	2	0.11	0.00522
11	GO :0051181	cofactor transport	20	2	0.11	0.00522
12	GO :0042994	cytoplasmic sequestering of transcription factor	25	2	0.14	0.00809
13	GO :0030316	osteoclast differentiation	76	3	0.41	0.00819
14	GO :0070979	protein K11-linked ubiquitination	26	2	0.14	0.00874
15	GO :0015804	neutral amino acid transport	26	2	0.14	0.00874
16	GO :0045124	regulation of bone resorption	27	2	0.15	0.00940

Groupe 22 (effectif = 357)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0030512	negative regulation of transforming growth factor beta receptor signaling pathway	67	6	1.11	0.00083
2	GO :0000281	mitotic cytokinesis	27	4	0.45	0.00096
3	GO :0043153	entrainment of circadian clock by photoperiod	14	3	0.23	0.00143
4	GO :0044346	fibroblast apoptotic process	15	3	0.25	0.00177
5	GO :0032873	negative regulation of stress-activated MAPK cascade	32	4	0.53	0.00184
6	GO :0002885	positive regulation of hypersensitivity	5	2	0.08	0.00265
7	GO :0007182	common-partner SMAD protein phosphorylation	6	2	0.10	0.00393
8	GO :1901897	regulation of relaxation of cardiac muscle	6	2	0.10	0.00393
9	GO :0035845	photoreceptor cell outer segment organization	6	2	0.10	0.00393
10	GO :2000510	positive regulation of dendritic cell chemotaxis	6	2	0.10	0.00393
11	GO :0030178	negative regulation of Wnt signaling pathway	157	8	2.60	0.00465
12	GO :0014067	negative regulation of phosphatidylinositol 3-kinase signaling	7	2	0.12	0.00544
13	GO :0002606	positive regulation of dendritic cell antigen processing and presentation	7	2	0.12	0.00544
14	GO :0048793	pronephros development	8	2	0.13	0.00718
15	GO :0071455	cellular response to hyperoxia	8	2	0.13	0.00718
16	GO :0015980	energy derivation by oxidation of organic compounds	327	12	5.42	0.00843
17	GO :0000122	negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter	586	18	9.72	0.00874
18	GO :0072132	mesenchyme morphogenesis	27	3	0.45	0.00981

Groupe 23 (effectif = 675)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0006886	intracellular protein transport	873	55	27.55	8.1e-06
2	GO :0031124	mRNA 3'-end processing	95	13	3.00	8.4e-06
3	GO :0006987	activation of signaling protein activity involved in unfolded protein response	63	10	1.99	2.5e-05
4	GO :0071786	endoplasmic reticulum tubular network organization	9	4	0.28	0.00011
5	GO :0006977	DNA damage response, signal transduction by p53 class mediator resulting in cell cycle arrest	62	9	1.96	0.00013
6	GO :0000398	mRNA splicing, via spliceosome	222	18	7.00	0.00024
7	GO :0006369	termination of RNA polymerase II transcription	42	7	1.33	0.00031
8	GO :0051489	regulation of filopodium assembly	32	6	1.01	0.00043
9	GO :0090382	phagosome maturation	45	7	1.42	0.00048
10	GO :0006521	regulation of cellular amino acid metabolic process	60	8	1.89	0.00056
11	GO :2000785	regulation of autophagic vacuole assembly	13	4	0.41	0.00056
12	GO :0060789	hair follicle placode formation	6	3	0.19	0.00058
13	GO :0034616	response to laminar fluid shear stress	14	4	0.44	0.00076
14	GO :0006367	transcription initiation from RNA polymerase II promoter	185	15	5.84	0.00077
15	GO :0007005	mitochondrion organization	548	35	17.29	0.00087
16	GO :2001140	positive regulation of phospholipid transport	7	3	0.22	0.00099
17	GO :0009967	positive regulation of signal transduction	1128	60	35.59	0.00103
18	GO :0016032	viral process	665	36	20.98	0.00108
19	GO :0002479	antigen processing and presentation of exogenous peptide antigen via MHC class I, TAP-dependent	68	8	2.15	0.00129
20	GO :0016575	histone deacetylation	53	7	1.67	0.00130
21	GO :0043011	myeloid dendritic cell differentiation	16	4	0.50	0.00131
22	GO :0030220	platelet formation	16	4	0.50	0.00131
23	GO :0043254	regulation of protein complex assembly	269	22	8.49	0.00149
24	GO :0086013	membrane repolarization during cardiac muscle cell action potential	8	3	0.25	0.00155
25	GO :1902580	single-organism cellular localization	990	56	31.24	0.00155
26	GO :0034314	Arp2/3 complex-mediated actin nucleation	28	5	0.88	0.00164
27	GO :0048538	thymus development	41	6	1.29	0.00168
28	GO :0006418	tRNA aminoacylation for protein translation	42	6	1.33	0.00190
29	GO :0031648	protein destabilization	29	5	0.92	0.00194

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
30	GO :1902582	single-organism intracellular transport	1226	68	38.68	0.00204
31	GO :0035358	regulation of peroxisome proliferator activated receptor signaling pathway	9	3	0.28	0.00227
32	GO :1903827	regulation of cellular protein localization	392	27	12.37	0.00229
33	GO :0006364	rRNA processing	128	11	4.04	0.00240
34	GO :0015991	ATP hydrolysis coupled proton transport	31	5	0.98	0.00263
35	GO :0006368	transcription elongation from RNA polymerase II promoter	76	8	2.40	0.00265
36	GO :0051084	'de novo' posttranslational protein folding	45	6	1.42	0.00273
37	GO :1903312	negative regulation of mRNA metabolic process	32	5	1.01	0.00304
38	GO :0060628	regulation of ER to Golgi vesicle-mediated transport	10	3	0.32	0.00317
39	GO :0006913	nucleocytoplasmic transport	416	24	13.13	0.00327
40	GO :0006120	mitochondrial electron transport, NADH to ubiquinone	47	6	1.48	0.00341
41	GO :0090263	positive regulation of canonical Wnt signaling pathway	115	10	3.63	0.00342
42	GO :0034110	regulation of homotypic cell-cell adhesion	237	16	7.48	0.00350
43	GO :0030168	platelet activation	219	15	6.91	0.00405
44	GO :0051436	negative regulation of ubiquitin-protein ligase activity involved in mitotic cell cycle	65	7	2.05	0.00425
45	GO :0061154	endothelial tube morphogenesis	11	3	0.35	0.00426
46	GO :0016242	negative regulation of macroautophagy	11	3	0.35	0.00426
47	GO :0007159	leukocyte cell-cell adhesion	379	22	11.96	0.00444
48	GO :1903727	positive regulation of phospholipid metabolic process	35	5	1.10	0.00454
49	GO :0060334	regulation of interferon-gamma-mediated signaling pathway	22	4	0.69	0.00455
50	GO :0060548	negative regulation of cell death	776	38	24.48	0.00458
51	GO :0048013	ephrin receptor signaling pathway	83	8	2.62	0.00458
52	GO :0038096	Fc-gamma receptor signaling pathway involved in phagocytosis	66	7	2.08	0.00463
53	GO :0007034	vacuolar transport	66	7	2.08	0.00463
54	GO :0043161	proteasome-mediated ubiquitin-dependent protein catabolic process	334	20	10.54	0.00465
55	GO :0051640	organelle localization	355	26	11.20	0.00500
56	GO :0008286	insulin receptor signaling pathway	162	12	5.11	0.00526
57	GO :0019886	antigen processing and presentation of exogenous peptide antigen via MHC class II	68	7	2.15	0.00547
58	GO :0042136	neurotransmitter biosynthetic process	12	3	0.38	0.00555
59	GO :1903955	positive regulation of protein targeting to mitochondrion	52	6	1.64	0.00567

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
60	GO :0051437	positive regulation of ubiquitin-protein ligase activity involved in regulation of mitotic cell cycle transition	69	7	2.18	0.00592
61	GO :1902803	regulation of synaptic vesicle transport	24	4	0.76	0.00629
62	GO :0010453	regulation of cell fate commitment	24	4	0.76	0.00629
63	GO :0010467	gene expression	3750	167	118.32	0.00642
64	GO :0046467	membrane lipid biosynthetic process	89	8	2.81	0.00697
65	GO :0006098	pentose-phosphate shunt	13	3	0.41	0.00704
66	GO :0048208	COPII vesicle coating	13	3	0.41	0.00704
67	GO :1902116	negative regulation of organelle assembly	13	3	0.41	0.00704
68	GO :0061028	establishment of endothelial barrier	25	4	0.79	0.00730
69	GO :0035304	regulation of protein dephosphorylation	25	4	0.79	0.00730
70	GO :0008033	tRNA processing	91	8	2.87	0.00795
71	GO :0006909	phagocytosis	178	16	5.62	0.00823
72	GO :0012501	programmed cell death	1542	65	48.65	0.00847
73	GO :0046916	cellular transition metal ion homeostasis	92	8	2.90	0.00847
74	GO :0051023	regulation of immunoglobulin secretion	14	3	0.44	0.00876
75	GO :1903020	positive regulation of glycoprotein metabolic process	14	3	0.44	0.00876
76	GO :0035855	megakaryocyte development	14	3	0.44	0.00876
77	GO :0045830	positive regulation of isotype switching	14	3	0.44	0.00876
78	GO :0001916	positive regulation of T cell mediated cytotoxicity	14	3	0.44	0.00876
79	GO :1903912	negative regulation of endoplasmic reticulum stress-induced eIF2 alpha phosphorylation	5	2	0.16	0.00932
80	GO :0035912	dorsal aorta morphogenesis	5	2	0.16	0.00932
81	GO :0061197	fungiform papilla morphogenesis	5	2	0.16	0.00932
82	GO :0007175	negative regulation of epidermal growth factor-activated receptor activity	5	2	0.16	0.00932
83	GO :2000189	positive regulation of cholesterol homeostasis	5	2	0.16	0.00932
84	GO :0006102	isocitrate metabolic process	5	2	0.16	0.00932
85	GO :0045743	positive regulation of fibroblast growth factor receptor signaling pathway	5	2	0.16	0.00932
86	GO :0006552	leucine catabolic process	5	2	0.16	0.00932
87	GO :0060431	primary lung bud formation	5	2	0.16	0.00932

Groupe 24 (effectif = 138)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0006953	acute-phase response	39	4	0.23	7.6e-05
2	GO :0051764	actin crosslink formation	7	2	0.04	0.00070
3	GO :0019441	tryptophan catabolic process to ky- nurenine	7	2	0.04	0.00070
4	GO :0071499	cellular response to laminar fluid shear stress	7	2	0.04	0.00070
5	GO :0000050	urea cycle	8	2	0.05	0.00093
6	GO :0002576	platelet degranulation	81	4	0.47	0.00128
7	GO :0050900	leukocyte migration	286	7	1.67	0.00139
8	GO :0019748	secondary metabolic process	38	3	0.22	0.00140
9	GO :0019371	cyclooxygenase pathway	11	2	0.06	0.00180
10	GO :0043650	dicarboxylic acid biosynthetic pro- cess	11	2	0.06	0.00180
11	GO :0006066	alcohol metabolic process	322	7	1.89	0.00271
12	GO :0007584	response to nutrient	165	5	0.97	0.00278
13	GO :0009435	NAD biosynthetic process	14	2	0.08	0.00294
14	GO :0045087	innate immune response	729	11	4.27	0.00324
15	GO :0009084	glutamine family amino acid biosyn- thetic process	15	2	0.09	0.00338
16	GO :0051968	positive regulation of synaptic transmission, glutamatergic	15	2	0.09	0.00338
17	GO :2000144	positive regulation of DNA- templated transcription, initiation	16	2	0.09	0.00385
18	GO :0043011	myeloid dendritic cell differentiation	16	2	0.09	0.00385
19	GO :0008360	regulation of cell shape	111	4	0.65	0.00404
20	GO :0006805	xenobiotic metabolic process	114	4	0.67	0.00444
21	GO :0007194	negative regulation of adenylate cy- clase activity	18	2	0.11	0.00487
22	GO :0034612	response to tumor necrosis factor	118	4	0.69	0.00502
23	GO :0002253	activation of immune response	361	7	2.11	0.00508
24	GO :0071260	cellular response to mechanical sti- mulus	64	3	0.37	0.00621
25	GO :0046849	bone remodeling	64	3	0.37	0.00621
26	GO :0060541	respiratory system development	202	5	1.18	0.00654
27	GO :0042346	positive regulation of NF-kappaB import into nucleus	21	2	0.12	0.00661
28	GO :0046839	phospholipid dephosphorylation	21	2	0.12	0.00661
29	GO :0048732	gland development	381	7	2.23	0.00678
30	GO :0006629	lipid metabolic process	1011	16	5.92	0.00703
31	GO :0046209	nitric oxide metabolic process	70	3	0.41	0.00796
32	GO :0030318	melanocyte differentiation	24	2	0.14	0.00859
33	GO :1901021	positive regulation of calcium ion transmembrane transporter activity	24	2	0.14	0.00859
34	GO :0050767	regulation of neurogenesis	504	8	2.95	0.00902
35	GO :0008217	regulation of blood pressure	140	4	0.82	0.00911
36	GO :0030168	platelet activation	219	5	1.28	0.00911
37	GO :1903524	positive regulation of blood circula- tion	74	3	0.43	0.00927

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
38	GO :0010226	response to lithium ion	25	2	0.15	0.00930

Groupe 25 (effectif = 95)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0006446	regulation of translational initiation	71	4	0.29	0.00021
2	GO :0016567	protein ubiquitination	603	9	2.50	0.00074
3	GO :0048535	lymph node development	15	2	0.06	0.00171
4	GO :0060251	regulation of glial cell proliferation	16	2	0.07	0.00195
5	GO :0071549	cellular response to dexamethasone stimulus	20	2	0.08	0.00305
6	GO :0048583	regulation of response to stimulus	2885	21	11.97	0.00368
7	GO :0001913	T cell mediated cytotoxicity	23	2	0.10	0.00404
8	GO :0009791	post-embryonic development	93	3	0.39	0.00671
9	GO :0043486	histone exchange	32	2	0.13	0.00773
10	GO :0042476	odontogenesis	98	3	0.41	0.00775

Groupe 26 (effectif = 900)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0000184	nuclear-transcribed mRNA catabolic process, nonsense-mediated decay	111	16	5.05	4.0e-05
2	GO :0006895	Golgi to endosome transport	16	6	0.73	4.7e-05
3	GO :0019083	viral transcription	167	20	7.59	7.0e-05
4	GO :0006614	SRP-dependent cotranslational protein targeting to membrane	103	14	4.68	0.00023
5	GO :0016032	viral process	665	59	30.23	0.00041
6	GO :0033365	protein localization to organelle	669	56	30.41	0.00084
7	GO :0036003	positive regulation of transcription from RNA polymerase II promoter in response to stress	19	5	0.86	0.00130
8	GO :0006511	ubiquitin-dependent protein catabolic process	450	35	20.46	0.00135
9	GO :0034142	toll-like receptor 4 signaling pathway	104	12	4.73	0.00264
10	GO :0032909	regulation of transforming growth factor beta2 production	7	3	0.32	0.00285
11	GO :0008286	insulin receptor signaling pathway	162	16	7.36	0.00288
12	GO :0060442	branching involved in prostate gland morphogenesis	14	4	0.64	0.00294
13	GO :0009791	post-embryonic development	93	11	4.23	0.00322
14	GO :0016567	protein ubiquitination	603	45	27.41	0.00343
15	GO :0070099	regulation of chemokine-mediated signaling pathway	8	3	0.36	0.00441

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
16	GO :0043619	regulation of transcription from RNA polymerase II promoter in response to oxidative stress	8	3	0.36	0.00441
17	GO :0031669	cellular response to nutrient levels	170	16	7.73	0.00463
18	GO :0051000	positive regulation of nitric-oxide synthase activity	16	4	0.73	0.00497
19	GO :0006383	transcription from RNA polymerase III promoter	47	7	2.14	0.00500
20	GO :0006054	N-acetylneuraminate metabolic process	9	3	0.41	0.00639
21	GO :0032206	positive regulation of telomere maintenance	9	3	0.41	0.00639
22	GO :0001952	regulation of cell-matrix adhesion	75	9	3.41	0.00674
23	GO :0035666	TRIF-dependent toll-like receptor signaling pathway	75	9	3.41	0.00674
24	GO :0033522	histone H2A ubiquitination	18	4	0.82	0.00777
25	GO :0006464	cellular protein modification process	2708	159	123.10	0.00795
26	GO :1900103	positive regulation of endoplasmic reticulum unfolded protein response	10	3	0.45	0.00882

Groupe 27 (effectif = 42)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0035932	aldosterone secretion	5	1	0.00	0.0016
2	GO :0032347	regulation of aldosterone biosynthetic process	6	1	0.00	0.0020
3	GO :2000848	positive regulation of corticosteroid hormone secretion	6	1	0.00	0.0020
4	GO :0060267	positive regulation of respiratory burst	6	1	0.00	0.0020
5	GO :0046886	positive regulation of hormone biosynthetic process	7	1	0.00	0.0023
6	GO :0010893	positive regulation of steroid biosynthetic process	9	1	0.00	0.0029
7	GO :2001273	regulation of glucose import in response to insulin stimulus	9	1	0.00	0.0029
8	GO :0045603	positive regulation of endothelial cell differentiation	11	1	0.00	0.0036
9	GO :0042592	homeostatic process	1241	3	0.40	0.0038
10	GO :2000105	positive regulation of DNA-dependent DNA replication	12	1	0.00	0.0039
11	GO :0046325	negative regulation of glucose import	13	1	0.00	0.0042
12	GO :0032026	response to magnesium ion	14	1	0.00	0.0045
13	GO :0019731	antibacterial humoral response	15	1	0.00	0.0049
14	GO :0032332	positive regulation of chondrocyte differentiation	16	1	0.01	0.0052
15	GO :1902932	positive regulation of alcohol biosynthetic process	16	1	0.01	0.0052

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
16	GO :0033622	integrin activation	16	1	0.01	0.0052
17	GO :0003323	type B pancreatic cell development	17	1	0.01	0.0055
18	GO :0032461	positive regulation of protein oligo- merization	17	1	0.01	0.0055
19	GO :0003094	glomerular filtration	18	1	0.01	0.0058
20	GO :0030539	male genitalia development	20	1	0.01	0.0065
21	GO :0010039	response to iron ion	23	1	0.01	0.0075
22	GO :0008283	cell proliferation	1576	3	0.51	0.0076
23	GO :0001958	endochondral ossification	26	1	0.01	0.0084
24	GO :0002639	positive regulation of immunoglobu- lin production	28	1	0.01	0.0091

Groupe 28 (effectif = 127)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0009313	oligosaccharide catabolic process	5	2	0.02	0.00022
2	GO :0098739	import across plasma membrane	6	2	0.03	0.00032
3	GO :0046479	glycosphingolipid catabolic process	6	2	0.03	0.00032
4	GO :0036376	sodium ion export from cell	7	2	0.03	0.00045
5	GO :0030007	cellular potassium ion homeostasis	8	2	0.04	0.00060
6	GO :0046514	ceramide catabolic process	8	2	0.04	0.00060
7	GO :0086013	membrane repolarization during cardiac muscle cell action potential	8	2	0.04	0.00060
8	GO :0001573	ganglioside metabolic process	10	2	0.05	0.00096
9	GO :0006883	cellular sodium ion homeostasis	11	2	0.05	0.00117
10	GO :0097067	cellular response to thyroid hor- mone stimulus	12	2	0.06	0.00140
11	GO :0071711	basement membrane organization	12	2	0.06	0.00140
12	GO :0046325	negative regulation of glucose im- port	13	2	0.06	0.00165
13	GO :0019915	lipid storage	52	3	0.25	0.00187
14	GO :0055119	relaxation of cardiac muscle	15	2	0.07	0.00221
15	GO :0060333	interferon-gamma-mediated signa- ling pathway	62	3	0.29	0.00309
16	GO :0046697	decidualization	18	2	0.08	0.00319
17	GO :0010107	potassium ion import	19	2	0.09	0.00355
18	GO :0046835	carbohydrate phosphorylation	20	2	0.09	0.00393
19	GO :0002224	toll-like receptor signaling pathway	138	4	0.65	0.00403
20	GO :0086064	cell communication by electrical coupling involved in cardiac conduc- tion	21	2	0.10	0.00433
21	GO :1903034	regulation of response to wounding	332	6	1.57	0.00460
22	GO :0006869	lipid transport	241	5	1.14	0.00546
23	GO :0044712	single-organism catabolic process	883	12	4.16	0.00556
24	GO :0008347	glial cell migration	29	2	0.14	0.00818
25	GO :0050821	protein stabilization	90	3	0.42	0.00875

Groupe 29 (effectif = 305)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0050852	T cell receptor signaling pathway	93	7	1.24	0.00024
2	GO :0032776	DNA methylation on cytosine	12	3	0.16	0.00047
3	GO :0045471	response to ethanol	107	7	1.43	0.00056
4	GO :0032388	positive regulation of intracellular transport	268	11	3.57	0.00093
5	GO :0001666	response to hypoxia	239	10	3.19	0.00137
6	GO :0016192	vesicle-mediated transport	1101	27	14.68	0.00139
7	GO :1903829	positive regulation of cellular protein localization	241	10	3.21	0.00146
8	GO :0090286	cytoskeletal anchoring at nuclear membrane	5	2	0.07	0.00172
9	GO :0002448	mast cell mediated immunity	39	4	0.52	0.00174
10	GO :0042493	response to drug	349	15	4.65	0.00189
11	GO :0048538	thymus development	41	4	0.55	0.00210
12	GO :0030032	lamellipodium assembly	46	4	0.61	0.00322
13	GO :0006120	mitochondrial electron transport, NADH to ubiquinone	47	4	0.63	0.00348
14	GO :0060753	regulation of mast cell chemotaxis	7	2	0.09	0.00355
15	GO :0051569	regulation of histone H3-K4 methylation	25	3	0.33	0.00432
16	GO :0035690	cellular response to drug	50	4	0.67	0.00436
17	GO :0048010	vascular endothelial growth factor receptor signaling pathway	117	6	1.56	0.00475
18	GO :0006767	water-soluble vitamin metabolic process	83	5	1.11	0.00499
19	GO :0050690	regulation of defense response to virus by virus	27	3	0.36	0.00539
20	GO :0038093	Fc receptor signaling pathway	201	8	2.68	0.00552
21	GO :0035457	cellular response to interferon-alpha	9	2	0.12	0.00598
22	GO :0061085	regulation of histone H3-K27 methylation	9	2	0.12	0.00598
23	GO :0007264	small GTPase mediated signal transduction	707	18	9.43	0.00624
24	GO :0042558	pteridine-containing compound metabolic process	30	3	0.40	0.00726
25	GO :0051249	regulation of lymphocyte activation	304	10	4.05	0.00759
26	GO :0002690	positive regulation of leukocyte chemotaxis	60	4	0.80	0.00833
27	GO :0060263	regulation of respiratory burst	11	2	0.15	0.00898
28	GO :0043252	sodium-independent organic anion transport	11	2	0.15	0.00898
29	GO :0070286	axonemal dynein complex assembly	11	2	0.15	0.00898
30	GO :0030168	platelet activation	219	8	2.92	0.00908
31	GO :0051222	positive regulation of protein transport	314	10	4.19	0.00942
32	GO :0045058	T cell selection	33	3	0.44	0.00948
33	GO :1904019	epithelial cell apoptotic process	63	4	0.84	0.00987

Groupe 30 (effectif = 22)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :1902305	regulation of sodium ion transmembrane transport	42	2	0.05	0.0012
2	GO :0016337	single organismal cell-cell adhesion	579	5	0.71	0.0032
3	GO :0035637	multicellular organismal signaling	93	2	0.11	0.0056
4	GO :0006927	transformed cell apoptotic process	5	1	0.01	0.0061
5	GO :0033625	positive regulation of integrin activation	5	1	0.01	0.0061
6	GO :0030913	paranodal junction assembly	5	1	0.01	0.0061
7	GO :0033634	positive regulation of cell-cell adhesion mediated by integrin	5	1	0.01	0.0061
8	GO :0035754	B cell chemotaxis	5	1	0.01	0.0061
9	GO :0097049	motor neuron apoptotic process	5	1	0.01	0.0061
10	GO :0097527	necroptotic signaling pathway	6	1	0.01	0.0073
11	GO :0045162	clustering of voltage-gated sodium channels	6	1	0.01	0.0073
12	GO :0061050	regulation of cell growth involved in cardiac muscle cell development	6	1	0.01	0.0073
13	GO :0032464	positive regulation of protein homooligomerization	6	1	0.01	0.0073
14	GO :0048755	branching morphogenesis of a nerve	6	1	0.01	0.0073
15	GO :0044829	positive regulation by host of viral genome replication	6	1	0.01	0.0073
16	GO :0048672	positive regulation of collateral sprouting	7	1	0.01	0.0085
17	GO :0007217	tachykinin receptor signaling pathway	7	1	0.01	0.0085
18	GO :0042538	hyperosmotic salinity response	7	1	0.01	0.0085
19	GO :0070474	positive regulation of uterine smooth muscle contraction	7	1	0.01	0.0085
20	GO :0036376	sodium ion export from cell	7	1	0.01	0.0085
21	GO :0035878	nail development	7	1	0.01	0.0085
22	GO :0071455	cellular response to hyperoxia	8	1	0.01	0.0097
23	GO :0030007	cellular potassium ion homeostasis	8	1	0.01	0.0097

Groupe 31 (effectif = 72)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0032610	interleukin-1 alpha production	5	2	0.02	0.00010
2	GO :0006954	inflammatory response	516	10	1.68	0.00011
3	GO :0006687	glycosphingolipid metabolic process	44	3	0.14	0.00039
4	GO :0022617	extracellular matrix disassembly	111	4	0.36	0.00045
5	GO :0009611	response to wounding	882	12	2.87	0.00072
6	GO :0001525	angiogenesis	360	6	1.17	0.00100
7	GO :0050718	positive regulation of interleukin-1 beta secretion	16	2	0.05	0.00120

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
8	GO :0007597	blood coagulation, intrinsic path- way	17	2	0.06	0.00136
9	GO :0044243	multicellular organismal catabolic process	72	3	0.23	0.00163
10	GO :0051882	mitochondrial depolarization	19	2	0.06	0.00170
11	GO :0002576	platelet degranulation	81	3	0.26	0.00228
12	GO :0030449	regulation of complement activation	24	2	0.08	0.00272
13	GO :0048873	homeostasis of number of cells wi- thin a tissue	25	2	0.08	0.00295
14	GO :0045824	negative regulation of innate im- mune response	26	2	0.08	0.00319
15	GO :0033198	response to ATP	26	2	0.08	0.00319
16	GO :0032963	collagen metabolic process	98	3	0.32	0.00392
17	GO :0046513	ceramide biosynthetic process	30	2	0.10	0.00424
18	GO :0043065	positive regulation of apoptotic pro- cess	493	6	1.60	0.00485
19	GO :2000351	regulation of endothelial cell apop- totic process	34	2	0.11	0.00542
20	GO :0034405	response to fluid shear stress	34	2	0.11	0.00542
21	GO :0071310	cellular response to organic sub- stance	1683	12	5.47	0.00573
22	GO :0045776	negative regulation of blood pres- sure	35	2	0.11	0.00574
23	GO :0032570	response to progesterone	35	2	0.11	0.00574
24	GO :0002685	regulation of leukocyte migration	114	3	0.37	0.00597
25	GO :0051345	positive regulation of hydrolase ac- tivity	703	7	2.29	0.00692
26	GO :0032370	positive regulation of lipid transport	42	2	0.14	0.00818
27	GO :0030522	intracellular receptor signaling pa- thway	247	4	0.80	0.00823
28	GO :0010035	response to inorganic substance	390	5	1.27	0.00826
29	GO :0048771	tissue remodeling	130	3	0.42	0.00858

Groupe 32 (effectif = 18)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0002920	regulation of humoral immune res- ponse	39	2	0.03	0.00027
2	GO :0035754	B cell chemotaxis	5	1	0.00	0.00325
3	GO :0033625	positive regulation of integrin acti- vation	5	1	0.00	0.00325
4	GO :0033634	positive regulation of cell-cell adhe- sion mediated by integrin	5	1	0.00	0.00325
5	GO :0072608	interleukin-10 secretion	5	1	0.00	0.00325
6	GO :0036481	intrinsic apoptotic signaling path- way in response to hydrogen per- oxide	5	1	0.00	0.00325

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
7	GO :1901299	negative regulation of hydrogen peroxide-mediated programmed cell death	5	1	0.00	0.00325
8	GO :0018401	peptidyl-proline hydroxylation to 4-hydroxy-L-proline	6	1	0.00	0.00390
9	GO :0050870	positive regulation of T cell activation	160	2	0.10	0.00447
10	GO :0035589	G-protein coupled purinergic nucleotide receptor signaling pathway	8	1	0.01	0.00519
11	GO :0046007	negative regulation of activated T cell proliferation	8	1	0.01	0.00519
12	GO :0045343	regulation of MHC class I biosynthetic process	8	1	0.01	0.00519
13	GO :0010820	positive regulation of T cell chemotaxis	9	1	0.01	0.00584
14	GO :0070201	regulation of establishment of protein localization	622	3	0.40	0.00596
15	GO :0051085	chaperone mediated protein folding requiring cofactor	10	1	0.01	0.00649
16	GO :0032693	negative regulation of interleukin-10 production	12	1	0.01	0.00778
17	GO :2001026	regulation of endothelial cell chemotaxis	12	1	0.01	0.00778
18	GO :0045956	positive regulation of calcium ion-dependent exocytosis	12	1	0.01	0.00778
19	GO :0006957	complement activation, alternative pathway	13	1	0.01	0.00843
20	GO :0002467	germinal center formation	13	1	0.01	0.00843
21	GO :1900744	regulation of p38MAPK cascade	14	1	0.01	0.00907
22	GO :0048535	lymph node development	15	1	0.01	0.00972

Groupe 33 (effectif = 8)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0071317	cellular response to isoquinoline alkaloid	5	1	0.00	0.00041
2	GO :0071670	smooth muscle cell chemotaxis	5	1	0.00	0.00041
3	GO :0014744	positive regulation of muscle adaptation	5	1	0.00	0.00041
4	GO :0071447	cellular response to hydroperoxide	6	1	0.00	0.00049
5	GO :0001774	microglial cell activation	10	1	0.00	0.00081
6	GO :0014912	negative regulation of smooth muscle cell migration	11	1	0.00	0.00089
7	GO :0090026	positive regulation of monocyte chemotaxis	11	1	0.00	0.00089
8	GO :0014911	positive regulation of smooth muscle cell migration	18	1	0.00	0.00146
9	GO :2000406	positive regulation of T cell migration	20	1	0.00	0.00163

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
10	GO :1900087	positive regulation of G1/S transition of mitotic cell cycle	20	1	0.00	0.00163
11	GO :0097178	ruffle assembly	22	1	0.00	0.00179
12	GO :0071242	cellular response to ammonium ion	24	1	0.00	0.00195
13	GO :0006911	phagocytosis, engulfment	24	1	0.00	0.00195
14	GO :0043278	response to morphine	26	1	0.00	0.00211
15	GO :0048662	negative regulation of smooth muscle cell proliferation	26	1	0.00	0.00211
16	GO :0050922	negative regulation of chemotaxis	26	1	0.00	0.00211
17	GO :0045429	positive regulation of nitric oxide biosynthetic process	33	1	0.00	0.00268
18	GO :0051602	response to electrical stimulus	39	1	0.00	0.00317
19	GO :0048661	positive regulation of smooth muscle cell proliferation	49	1	0.00	0.00398
20	GO :0048678	response to axon injury	50	1	0.00	0.00407
21	GO :0042102	positive regulation of T cell proliferation	75	1	0.01	0.00610
22	GO :0071346	cellular response to interferon-gamma	85	1	0.01	0.00691
23	GO :0051017	actin filament bundle assembly	91	1	0.01	0.00740

Groupe 34 (effectif = 33)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0042026	protein refolding	20	2	0.02	0.00011
2	GO :1900034	regulation of cellular response to heat	34	2	0.03	0.00033
3	GO :0045087	innate immune response	729	4	0.59	0.00193
4	GO :0006959	humoral immune response	107	2	0.09	0.00323
5	GO :0045040	protein import into mitochondrial outer membrane	5	1	0.00	0.00406
6	GO :0002730	regulation of dendritic cell cytokine production	5	1	0.00	0.00406
7	GO :2000427	positive regulation of apoptotic cell clearance	5	1	0.00	0.00406
8	GO :0002885	positive regulation of hypersensitivity	5	1	0.00	0.00406
9	GO :0046007	negative regulation of activated T cell proliferation	8	1	0.01	0.00649
10	GO :0090084	negative regulation of inclusion body assembly	8	1	0.01	0.00649
11	GO :0010951	negative regulation of endopeptidase activity	165	2	0.13	0.00750
12	GO :0031115	negative regulation of microtubule polymerization	10	1	0.01	0.00811
13	GO :1901678	iron coordination entity transport	10	1	0.01	0.00811
14	GO :0010866	regulation of triglyceride biosynthetic process	11	1	0.01	0.00891

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
15	GO :0032693	negative regulation of interleukin-10 production	12	1	0.01	0.00972
16	GO :0060033	anatomical structure regression	12	1	0.01	0.00972

Groupe 35 (effectif = 7)

No significant GO

Groupe 36 (effectif = 74)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0036035	osteoclast development	11	2	0.04	0.00067
2	GO :0032495	response to muramyl dipeptide	12	2	0.04	0.00081
3	GO :0042493	response to drug	349	6	1.25	0.00142
4	GO :0043408	regulation of MAPK cascade	531	7	1.90	0.00257
5	GO :0043123	positive regulation of I-kappaB kinase/NF-kappaB signaling	163	4	0.58	0.00267
6	GO :0051239	regulation of multicellular organismal process	2004	17	7.17	0.00279
7	GO :0044093	positive regulation of molecular function	1411	12	5.05	0.00315
8	GO :0007162	negative regulation of cell adhesion	175	4	0.63	0.00345
9	GO :0010977	negative regulation of neuron projection development	88	3	0.31	0.00379
10	GO :0048585	negative regulation of response to stimulus	1083	10	3.88	0.00418
11	GO :0046777	protein autophosphorylation	202	4	0.72	0.00574
12	GO :0012501	programmed cell death	1542	12	5.52	0.00651
13	GO :0097529	myeloid leukocyte migration	108	3	0.39	0.00672
14	GO :0044092	negative regulation of molecular function	820	8	2.93	0.00784
15	GO :0051336	regulation of hydrolase activity	1001	9	3.58	0.00798
16	GO :0002682	regulation of immune system process	1018	9	3.64	0.00888
17	GO :0050727	regulation of inflammatory response	233	4	0.83	0.00942
18	GO :0035987	endodermal cell differentiation	42	2	0.15	0.00984

Groupe 37 (effectif = 21)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0050832	defense response to fungus	18	3	0.01	2.2e-07
2	GO :0032496	response to lipopolysaccharide	245	6	0.18	4.5e-06
3	GO :0035690	cellular response to drug	50	3	0.04	5.2e-06
4	GO :0030593	neutrophil chemotaxis	53	3	0.04	6.2e-06
5	GO :0032119	sequestering of zinc ion	7	2	0.01	1.0e-05
6	GO :0031665	negative regulation of lipopolysaccharide-mediated signaling pathway	8	2	0.01	1.3e-05

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
7	GO :0002523	leukocyte migration involved in inflammatory response	11	2	0.01	2.6e-05
8	GO :0002544	chronic inflammatory response	22	3	0.02	5.0e-05
9	GO :0051092	positive regulation of NF-kappaB transcription factor activity	110	3	0.08	5.6e-05
10	GO :0019730	antimicrobial humoral response	18	2	0.01	7.2e-05
11	GO :0042742	defense response to bacterium	129	3	0.09	9.0e-05
12	GO :0048016	inositol phosphate-mediated signaling	29	2	0.02	0.00019
13	GO :0071347	cellular response to interleukin-1	49	3	0.04	0.00023
14	GO :0010043	response to zinc ion	32	2	0.02	0.00023
15	GO :2001244	positive regulation of intrinsic apoptotic signaling pathway	51	2	0.04	0.00060
16	GO :0014823	response to activity	52	2	0.04	0.00062
17	GO :0032602	chemokine production	58	2	0.04	0.00077
18	GO :0043507	positive regulation of JUN kinase activity	58	2	0.04	0.00077
19	GO :0002793	positive regulation of peptide secretion	66	2	0.05	0.00100
20	GO :0030193	regulation of blood coagulation	74	2	0.05	0.00125
21	GO :2000379	positive regulation of reactive oxygen species metabolic process	75	2	0.05	0.00129
22	GO :0006919	activation of cysteine-type endopeptidase activity involved in apoptotic process	76	2	0.06	0.00132
23	GO :0019233	sensory perception of pain	81	2	0.06	0.00150
24	GO :0050729	positive regulation of inflammatory response	84	2	0.06	0.00161
25	GO :0071346	cellular response to interferon-gamma	85	2	0.06	0.00165
26	GO :0032103	positive regulation of response to external stimulus	201	4	0.15	0.00185
27	GO :0071356	cellular response to tumor necrosis factor	99	2	0.07	0.00223
28	GO :0045087	innate immune response	729	6	0.53	0.00241
29	GO :0030307	positive regulation of cell growth	103	2	0.08	0.00241
30	GO :0045471	response to ethanol	107	2	0.08	0.00259
31	GO :0043433	negative regulation of sequence-specific DNA binding transcription factor activity	113	2	0.08	0.00289
32	GO :1901654	response to ketone	119	2	0.09	0.00320
33	GO :0071383	cellular response to steroid hormone stimulus	124	2	0.09	0.00347
34	GO :0051384	response to glucocorticoid	124	2	0.09	0.00347
35	GO :0002439	chronic inflammatory response to antigenic stimulus	5	1	0.00	0.00365
36	GO :0071280	cellular response to copper ion	5	1	0.00	0.00365
37	GO :1900157	regulation of bone mineralization involved in bone maturation	5	1	0.00	0.00365
38	GO :0060024	rhythmic synaptic transmission	5	1	0.00	0.00365
39	GO :0034135	regulation of toll-like receptor 2 signaling pathway	5	1	0.00	0.00365
40	GO :0042045	epithelial fluid transport	5	1	0.00	0.00365

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
41	GO :0071873	response to norepinephrine	5	1	0.00	0.00365
42	GO :0045112	integrin biosynthetic process	5	1	0.00	0.00365
43	GO :0034392	negative regulation of smooth muscle cell apoptotic process	5	1	0.00	0.00365
44	GO :0060297	regulation of sarcomere organization	5	1	0.00	0.00365
45	GO :1903011	negative regulation of bone development	5	1	0.00	0.00365
46	GO :1903012	positive regulation of bone development	5	1	0.00	0.00365
47	GO :1903531	negative regulation of secretion by cell	131	2	0.10	0.00386
48	GO :1903035	negative regulation of response to wounding	135	2	0.10	0.00409
49	GO :0050849	negative regulation of calcium-mediated signaling	6	1	0.00	0.00438
50	GO :0014824	artery smooth muscle contraction	6	1	0.00	0.00438
51	GO :0034115	negative regulation of heterotypic cell-cell adhesion	6	1	0.00	0.00438
52	GO :0034145	positive regulation of toll-like receptor 4 signaling pathway	6	1	0.00	0.00438
53	GO :2001204	regulation of osteoclast development	6	1	0.00	0.00438
54	GO :0001818	negative regulation of cytokine production	171	3	0.13	0.00448
55	GO :0001821	histamine secretion	7	1	0.01	0.00511
56	GO :0052572	response to host immune response	7	1	0.01	0.00511
57	GO :0044793	negative regulation by host of viral process	7	1	0.01	0.00511
58	GO :0034144	negative regulation of toll-like receptor 4 signaling pathway	7	1	0.01	0.00511
59	GO :0042482	positive regulation of odontogenesis	7	1	0.01	0.00511
60	GO :0044406	adhesion of symbiont to host	7	1	0.01	0.00511
61	GO :0019626	short-chain fatty acid catabolic process	7	1	0.01	0.00511
62	GO :0060137	maternal process involved in parturition	7	1	0.01	0.00511
63	GO :1902074	response to salt	7	1	0.01	0.00511
64	GO :0046007	negative regulation of activated T cell proliferation	8	1	0.01	0.00584
65	GO :0070099	regulation of chemokine-mediated signaling pathway	8	1	0.01	0.00584
66	GO :0035458	cellular response to interferon-beta	8	1	0.01	0.00584
67	GO :0007565	female pregnancy	163	2	0.12	0.00591
68	GO :0033690	positive regulation of osteoblast proliferation	9	1	0.01	0.00657
69	GO :0018119	peptidyl-cysteine S-nitrosylation	9	1	0.01	0.00657
70	GO :0007611	learning or memory	177	2	0.13	0.00694
71	GO :0045793	positive regulation of cell size	10	1	0.01	0.00730
72	GO :0001660	fever generation	10	1	0.01	0.00730
73	GO :0002227	innate immune response in mucosa	10	1	0.01	0.00730
74	GO :0032700	negative regulation of interleukin-17 production	11	1	0.01	0.00802

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
75	GO :0032308	positive regulation of prostaglandin secretion	11	1	0.01	0.00802
76	GO :0035988	chondrocyte proliferation	11	1	0.01	0.00802
77	GO :0014821	phasic smooth muscle contraction	11	1	0.01	0.00802
78	GO :0014048	regulation of glutamate secretion	11	1	0.01	0.00802
79	GO :0043066	negative regulation of apoptotic process	716	4	0.52	0.00867
80	GO :0032891	negative regulation of organic acid transport	12	1	0.01	0.00875
81	GO :0035810	positive regulation of urine volume	12	1	0.01	0.00875

Groupe 38 (effectif = 7)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0006954	inflammatory response	516	3	0.13	7.3e-05
2	GO :0006955	immune response	1174	3	0.29	0.00087
3	GO :0032496	response to lipopolysaccharide	245	2	0.06	0.00117
4	GO :2000503	positive regulation of natural killer cell chemotaxis	5	1	0.00	0.00122
5	GO :0032610	interleukin-1 alpha production	5	1	0.00	0.00122
6	GO :0071223	cellular response to lipoteichoic acid	8	1	0.00	0.00195
7	GO :0043922	negative regulation by host of viral transcription	9	1	0.00	0.00219
8	GO :0051770	positive regulation of nitric-oxide synthase biosynthetic process	13	1	0.00	0.00317
9	GO :2000406	positive regulation of T cell migration	20	1	0.00	0.00487
10	GO :0032732	positive regulation of interleukin-1 production	23	1	0.01	0.00560
11	GO :0050850	positive regulation of calcium-mediated signaling	26	1	0.01	0.00633
12	GO :0002690	positive regulation of leukocyte chemotaxis	60	2	0.01	0.00893

Groupe 39 (effectif = 20)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :1903054	negative regulation of extracellular matrix organization	5	1	0.00	0.0037
2	GO :0032596	protein transport into membrane raft	5	1	0.00	0.0037
3	GO :0030644	cellular chloride ion homeostasis	5	1	0.00	0.0037
4	GO :0098739	import across plasma membrane	6	1	0.00	0.0044
5	GO :0042747	circadian sleep/wake cycle, REM sleep	7	1	0.01	0.0051
6	GO :0036376	sodium ion export from cell	7	1	0.01	0.0051

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
7	GO :0010713	negative regulation of collagen metabolic process	7	1	0.01	0.0051
8	GO :0045647	negative regulation of erythrocyte differentiation	7	1	0.01	0.0051
9	GO :0060312	regulation of blood vessel remodeling	7	1	0.01	0.0051
10	GO :0086013	membrane repolarization during cardiac muscle cell action potential	8	1	0.01	0.0058
11	GO :0030007	cellular potassium ion homeostasis	8	1	0.01	0.0058
12	GO :0002573	myeloid leukocyte differentiation	170	2	0.12	0.0064
13	GO :0010715	regulation of extracellular matrix disassembly	9	1	0.01	0.0066
14	GO :0006516	glycoprotein catabolic process	10	1	0.01	0.0073
15	GO :0043206	extracellular fibril organization	10	1	0.01	0.0073
16	GO :0019371	cyclooxygenase pathway	11	1	0.01	0.0080
17	GO :0006883	cellular sodium ion homeostasis	11	1	0.01	0.0080
18	GO :1903522	regulation of blood circulation	198	2	0.14	0.0086
19	GO :2000651	positive regulation of sodium ion transmembrane transporter activity	12	1	0.01	0.0088
20	GO :1903019	negative regulation of glycoprotein metabolic process	12	1	0.01	0.0088
21	GO :1901018	positive regulation of potassium ion transporter activity	13	1	0.01	0.0095
22	GO :0060009	Sertoli cell development	13	1	0.01	0.0095

Groupe 40 (effectif = 64)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0070100	negative regulation of chemokine-mediated signaling pathway	5	2	0.01	6.9e-05
2	GO :1901623	regulation of lymphocyte chemotaxis	17	2	0.05	0.00093
3	GO :0002407	dendritic cell chemotaxis	17	2	0.05	0.00093
4	GO :0001829	trophoblast cell differentiation	18	2	0.05	0.00104
5	GO :0014911	positive regulation of smooth muscle cell migration	18	2	0.05	0.00104
6	GO :0021895	cerebral cortex neuron differentiation	21	2	0.06	0.00142
7	GO :0051262	protein tetramerization	84	3	0.23	0.00145
8	GO :0071295	cellular response to vitamin	22	2	0.06	0.00156
9	GO :0045597	positive regulation of cell differentiation	680	7	1.82	0.00185
10	GO :0045879	negative regulation of smoothed signaling pathway	25	2	0.07	0.00202
11	GO :0021591	ventricular system development	26	2	0.07	0.00218
12	GO :1900740	positive regulation of protein insertion into mitochondrial membrane involved in apoptotic signaling pathway	26	2	0.07	0.00218

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
13	GO :0019835	cytolysis	28	2	0.08	0.00253
14	GO :0061098	positive regulation of protein tyrosine kinase activity	29	2	0.08	0.00271
15	GO :0001912	positive regulation of leukocyte mediated cytotoxicity	30	2	0.08	0.00290
16	GO :0021772	olfactory bulb development	32	2	0.09	0.00329
17	GO :0046580	negative regulation of Ras protein signal transduction	36	2	0.10	0.00416
18	GO :0045664	regulation of neuron differentiation	406	5	1.09	0.00424
19	GO :0042267	natural killer cell mediated cytotoxicity	38	2	0.10	0.00462
20	GO :0043491	protein kinase B signaling	128	3	0.34	0.00479
21	GO :2000107	negative regulation of leukocyte apoptotic process	40	2	0.11	0.00511
22	GO :0021762	substantia nigra development	40	2	0.11	0.00511
23	GO :0031663	lipopolysaccharide-mediated signaling pathway	45	2	0.12	0.00643
24	GO :0045087	innate immune response	729	8	1.96	0.00689
25	GO :1901655	cellular response to ketone	48	2	0.13	0.00729
26	GO :0071230	cellular response to amino acid stimulus	49	2	0.13	0.00759
27	GO :0071347	cellular response to interleukin-1	49	2	0.13	0.00759
28	GO :0050776	regulation of immune response	665	6	1.78	0.00774
29	GO :0035690	cellular response to drug	50	2	0.13	0.00789

Groupe 41 (effectif = 9)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0019835	cytolysis	28	2	0.01	3.0e-05
2	GO :0006968	cellular defense response	50	2	0.02	9.7e-05
3	GO :0002677	negative regulation of chronic inflammatory response	5	1	0.00	0.0016
4	GO :1900271	regulation of long-term synaptic potentiation	6	1	0.00	0.0020
5	GO :0002281	macrophage activation involved in immune response	7	1	0.00	0.0023
6	GO :0002418	immune response to tumor cell	7	1	0.00	0.0023
7	GO :0001771	immunological synapse formation	10	1	0.00	0.0032
8	GO :0001774	microglial cell activation	10	1	0.00	0.0032
9	GO :0061099	negative regulation of protein tyrosine kinase activity	12	1	0.00	0.0039
10	GO :0002252	immune effector process	509	3	0.17	0.0049
11	GO :0002052	positive regulation of neuroblast proliferation	17	1	0.01	0.0055

Groupe 42 (effectif = 8)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :1901029	negative regulation of mitochondrial outer membrane permeabilization involved in apoptotic signaling pathway	5	1	0.00	0.00081
2	GO :0070431	nucleotide-binding oligomerization domain containing 2 signaling pathway	7	1	0.00	0.00114
3	GO :0045820	negative regulation of glycolytic process	10	1	0.00	0.00163
4	GO :0010745	negative regulation of macrophage derived foam cell differentiation	10	1	0.00	0.00163
5	GO :0007253	cytoplasmic sequestering of NF-kappaB	12	1	0.00	0.00195
6	GO :0007095	mitotic G2 DNA damage checkpoint	12	1	0.00	0.00195
7	GO :0032495	response to muramyl dipeptide	12	1	0.00	0.00195
8	GO :0010875	positive regulation of cholesterol efflux	13	1	0.00	0.00211
9	GO :0003085	negative regulation of systemic arterial blood pressure	14	1	0.00	0.00228
10	GO :0010888	negative regulation of lipid storage	15	1	0.00	0.00244
11	GO :0035994	response to muscle stretch	17	1	0.00	0.00276
12	GO :0045746	negative regulation of Notch signaling pathway	18	1	0.00	0.00293
13	GO :0001562	response to protozoan	18	1	0.00	0.00293
14	GO :0043330	response to exogenous dsRNA	30	1	0.00	0.00487
15	GO :0009409	response to cold	34	1	0.01	0.00552
16	GO :0000060	protein import into nucleus, translocation	35	1	0.01	0.00568
17	GO :0043392	negative regulation of DNA binding	40	1	0.01	0.00650
18	GO :0031663	lipopolysaccharide-mediated signaling pathway	45	1	0.01	0.00731
19	GO :0051247	positive regulation of protein metabolic process	1113	2	0.18	0.00819
20	GO :0032088	negative regulation of NF-kappaB transcription factor activity	52	1	0.01	0.00844
21	GO :0006282	regulation of DNA repair	55	1	0.01	0.00893
22	GO :0045638	negative regulation of myeloid cell differentiation	60	1	0.01	0.00974

Groupe 43 (effectif = 15)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0002548	monocyte chemotaxis	27	2	0.01	4.6e-05
2	GO :0009113	purine nucleobase biosynthetic process	7	1	0.00	0.0028
3	GO :0048245	eosinophil chemotaxis	9	1	0.00	0.0037

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
4	GO :0001771	immunological synapse formation	10	1	0.00	0.0041
5	GO :0036149	phosphatidylinositol acyl-chain re-modeling	10	1	0.00	0.0041
6	GO :0090280	positive regulation of calcium ion import	10	1	0.00	0.0041
7	GO :0021819	layer formation in cerebral cortex	11	1	0.00	0.0045
8	GO :0046130	purine ribonucleoside catabolic process	11	1	0.00	0.0045
9	GO :0046085	adenosine metabolic process	11	1	0.00	0.0045
10	GO :0006957	complement activation, alternative pathway	13	1	0.01	0.0053
11	GO :0050860	negative regulation of T cell receptor signaling pathway	13	1	0.01	0.0053
12	GO :0071675	regulation of mononuclear cell migration	13	1	0.01	0.0053
13	GO :0043101	purine-containing compound salvage	15	1	0.01	0.0061

Groupe 44 (effectif = 3)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0042118	endothelial cell activation	8	1	0.00	0.00065
2	GO :0010819	regulation of T cell chemotaxis	10	1	0.00	0.00081
3	GO :0061154	endothelial tube morphogenesis	11	1	0.00	0.00089
4	GO :0090026	positive regulation of monocyte chemotaxis	11	1	0.00	0.00089
5	GO :0010832	negative regulation of myotube differentiation	12	1	0.00	0.00098
6	GO :0043950	positive regulation of cAMP-mediated signaling	13	1	0.00	0.00106
7	GO :0010996	response to auditory stimulus	16	1	0.00	0.00130
8	GO :1901739	regulation of myoblast fusion	18	1	0.00	0.00146
9	GO :0045662	negative regulation of myoblast differentiation	19	1	0.00	0.00155
10	GO :2000406	positive regulation of T cell migration	20	1	0.00	0.00163
11	GO :0051281	positive regulation of release of sequestered calcium ion into cytosol	25	1	0.00	0.00203
12	GO :0033280	response to vitamin D	30	1	0.00	0.00244
13	GO :0009409	response to cold	34	1	0.00	0.00276
14	GO :0070098	chemokine-mediated signaling pathway	42	1	0.00	0.00342
15	GO :0010332	response to gamma radiation	46	1	0.00	0.00374
16	GO :0016525	negative regulation of angiogenesis	58	1	0.00	0.00472
17	GO :0034605	cellular response to heat	63	1	0.01	0.00512
18	GO :0030816	positive regulation of cAMP metabolic process	72	1	0.01	0.00586

Groupe 45 (effectif = 6)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :1903011	negative regulation of bone development	5	1	0.00	0.00081
2	GO :1903012	positive regulation of bone development	5	1	0.00	0.00081
3	GO :1900157	regulation of bone mineralization involved in bone maturation	5	1	0.00	0.00081
4	GO :2001204	regulation of osteoclast development	6	1	0.00	0.00098
5	GO :0034145	positive regulation of toll-like receptor 4 signaling pathway	6	1	0.00	0.00098
6	GO :0044793	negative regulation by host of viral process	7	1	0.00	0.00114
7	GO :0044406	adhesion of symbiont to host	7	1	0.00	0.00114
8	GO :0052572	response to host immune response	7	1	0.00	0.00114
9	GO :0031665	negative regulation of lipopolysaccharide-mediated signaling pathway	8	1	0.00	0.00130
10	GO :0033690	positive regulation of osteoblast proliferation	9	1	0.00	0.00146
11	GO :0002227	innate immune response in mucosa	10	1	0.00	0.00163
12	GO :0035988	chondrocyte proliferation	11	1	0.00	0.00179
13	GO :0032780	negative regulation of ATPase activity	12	1	0.00	0.00195
14	GO :0019731	antibacterial humoral response	15	1	0.00	0.00244
15	GO :0045671	negative regulation of osteoclast differentiation	16	1	0.00	0.00260
16	GO :0050832	defense response to fungus	18	1	0.00	0.00293
17	GO :0030501	positive regulation of bone mineralization	31	1	0.01	0.00504
18	GO :1903556	negative regulation of tumor necrosis factor superfamily cytokine production	34	1	0.01	0.00552
19	GO :0045071	negative regulation of viral genome replication	37	1	0.01	0.00601
20	GO :0090382	phagosome maturation	45	1	0.01	0.00731
21	GO :0001895	retina homeostasis	45	1	0.01	0.00731
22	GO :0045669	positive regulation of osteoblast differentiation	51	1	0.01	0.00828

Groupe 46 (effectif = 13)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0003032	detection of oxygen	5	1	0.00	0.0012
2	GO :0033591	response to L-ascorbic acid	5	1	0.00	0.0012
3	GO :0032364	oxygen homeostasis	5	1	0.00	0.0012

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
4	GO :1901163	regulation of trophoblast cell migration	6	1	0.00	0.0015
5	GO :0071361	cellular response to ethanol	9	1	0.00	0.0022
6	GO :0010269	response to selenium ion	9	1	0.00	0.0022
7	GO :0032927	positive regulation of activin receptor signaling pathway	9	1	0.00	0.0022
8	GO :0050665	hydrogen peroxide biosynthetic process	11	1	0.00	0.0027
9	GO :0038092	nodal signaling pathway	11	1	0.00	0.0027
10	GO :0001976	neurological system process involved in regulation of systemic arterial blood pressure	12	1	0.00	0.0029
11	GO :0010042	response to manganese ion	12	1	0.00	0.0029
12	GO :0003085	negative regulation of systemic arterial blood pressure	14	1	0.00	0.0034
13	GO :0035902	response to immobilization stress	15	1	0.00	0.0037
14	GO :1902176	negative regulation of oxidative stress-induced intrinsic apoptotic signaling pathway	18	1	0.00	0.0044
15	GO :0019430	removal of superoxide radicals	19	1	0.00	0.0046
16	GO :0045648	positive regulation of erythrocyte differentiation	20	1	0.00	0.0049
17	GO :0042554	superoxide anion generation	21	1	0.01	0.0051
18	GO :0031424	keratinization	21	1	0.01	0.0051
19	GO :0018149	peptide cross-linking	24	1	0.01	0.0058
20	GO :0048147	negative regulation of fibroblast proliferation	25	1	0.01	0.0061
21	GO :0055093	response to hyperoxia	30	1	0.01	0.0073
22	GO :2000243	positive regulation of reproductive process	32	1	0.01	0.0078
23	GO :0010043	response to zinc ion	32	1	0.01	0.0078
24	GO :0045429	positive regulation of nitric oxide biosynthetic process	33	1	0.01	0.0080
25	GO :0009409	response to cold	34	1	0.01	0.0083
26	GO :0050931	pigment cell differentiation	34	1	0.01	0.0083
27	GO :0046686	response to cadmium ion	35	1	0.01	0.0085
28	GO :0010862	positive regulation of pathway-restricted SMAD protein phosphorylation	38	1	0.01	0.0092
29	GO :0045599	negative regulation of fat cell differentiation	38	1	0.01	0.0092
30	GO :0006749	glutathione metabolic process	38	1	0.01	0.0092
31	GO :0051602	response to electrical stimulus	39	1	0.01	0.0095

Groupe 47 (effectif = 10)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0050832	defense response to fungus	18	3	0.01	2.6e-08
2	GO :0030593	neutrophil chemotaxis	53	3	0.02	7.5e-07

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
3	GO :0032119	sequestering of zinc ion	7	2	0.00	2.8e-06
4	GO :0050729	positive regulation of inflammatory response	84	3	0.03	3.0e-06
5	GO :0051092	positive regulation of NF-kappaB transcription factor activity	110	3	0.04	6.9e-06
6	GO :0002523	leukocyte migration involved in inflammatory response	11	2	0.00	7.3e-06
7	GO :0042742	defense response to bacterium	129	3	0.05	1.1e-05
8	GO :0002544	chronic inflammatory response	22	2	0.01	3.0e-05
9	GO :0010043	response to zinc ion	32	2	0.01	6.5e-05
10	GO :2001244	positive regulation of intrinsic apoptotic signaling pathway	51	2	0.02	0.00017
11	GO :0032602	chemokine production	58	2	0.02	0.00022
12	GO :0002793	positive regulation of peptide secretion	66	2	0.03	0.00028
13	GO :0006919	activation of cysteine-type endopeptidase activity involved in apoptotic process	76	2	0.03	0.00037
14	GO :0030307	positive regulation of cell growth	103	2	0.04	0.00068
15	GO :0045471	response to ethanol	107	2	0.04	0.00074
16	GO :0045087	innate immune response	729	4	0.30	0.00077
17	GO :0045112	integrin biosynthetic process	5	1	0.00	0.00203
18	GO :0034135	regulation of toll-like receptor 2 signaling pathway	5	1	0.00	0.00203
19	GO :0032496	response to lipopolysaccharide	245	3	0.10	0.00217
20	GO :0034144	negative regulation of toll-like receptor 4 signaling pathway	7	1	0.00	0.00284
21	GO :0019626	short-chain fatty acid catabolic process	7	1	0.00	0.00284
22	GO :0031665	negative regulation of lipopolysaccharide-mediated signaling pathway	8	1	0.00	0.00325
23	GO :0035458	cellular response to interferon-beta	8	1	0.00	0.00325
24	GO :0018119	peptidyl-cysteine S-nitrosylation	9	1	0.00	0.00365
25	GO :0001816	cytokine production	511	4	0.21	0.00400
26	GO :0006914	autophagy	284	2	0.12	0.00508

Groupe 48 (effectif = 4)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :1901029	negative regulation of mitochondrial outer membrane permeabilization involved in apoptotic signaling pathway	5	2	0.00	4.0e-07
2	GO :0060700	regulation of ribonuclease activity	6	2	0.00	6.0e-07
3	GO :1903896	positive regulation of IRE1-mediated unfolded protein response	6	2	0.00	6.0e-07

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
4	GO :0090084	negative regulation of inclusion body assembly	8	2	0.00	1.1e-06
5	GO :1902236	negative regulation of endoplasmic reticulum stress-induced intrinsic apoptotic signaling pathway	15	2	0.00	4.2e-06
6	GO :0006379	mRNA cleavage	19	2	0.00	6.8e-06

Groupe 49 (effectif = 10)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0007584	response to nutrient	165	2	0.07	0.0017
2	GO :2000427	positive regulation of apoptotic cell clearance	5	1	0.00	0.0020
3	GO :0035093	spermatogenesis, exchange of chro- mosomal proteins	5	1	0.00	0.0020
4	GO :0000050	urea cycle	8	1	0.00	0.0032
5	GO :0045945	positive regulation of transcription from RNA polymerase III promoter	10	1	0.00	0.0041
6	GO :0036149	phosphatidylinositol acyl-chain re- modeling	10	1	0.00	0.0041
7	GO :0050872	white fat cell differentiation	13	1	0.01	0.0053
8	GO :0007141	male meiosis I	15	1	0.01	0.0061
9	GO :0036152	phosphatidylethanolamine acyl- chain remodeling	16	1	0.01	0.0065
10	GO :0071285	cellular response to lithium ion	17	1	0.01	0.0069
11	GO :0036151	phosphatidylcholine acyl-chain re- modeling	18	1	0.01	0.0073
12	GO :0045736	negative regulation of cyclin- dependent protein serine/threonine kinase activity	22	1	0.01	0.0089
13	GO :0030449	regulation of complement activation	24	1	0.01	0.0097

Groupe 50 (effectif = 6)

No significant GO

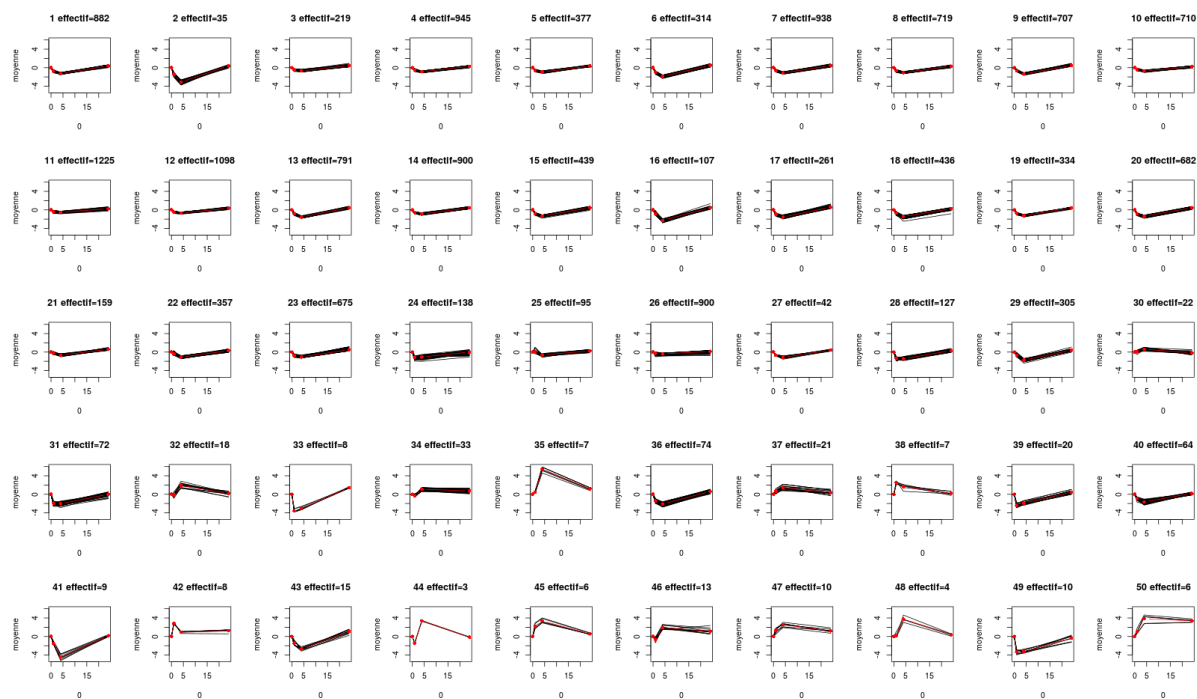


FIGURE F.1. – Evolution des gènes différentiels entre $t = 0$ et $t = +4h$ par cluster

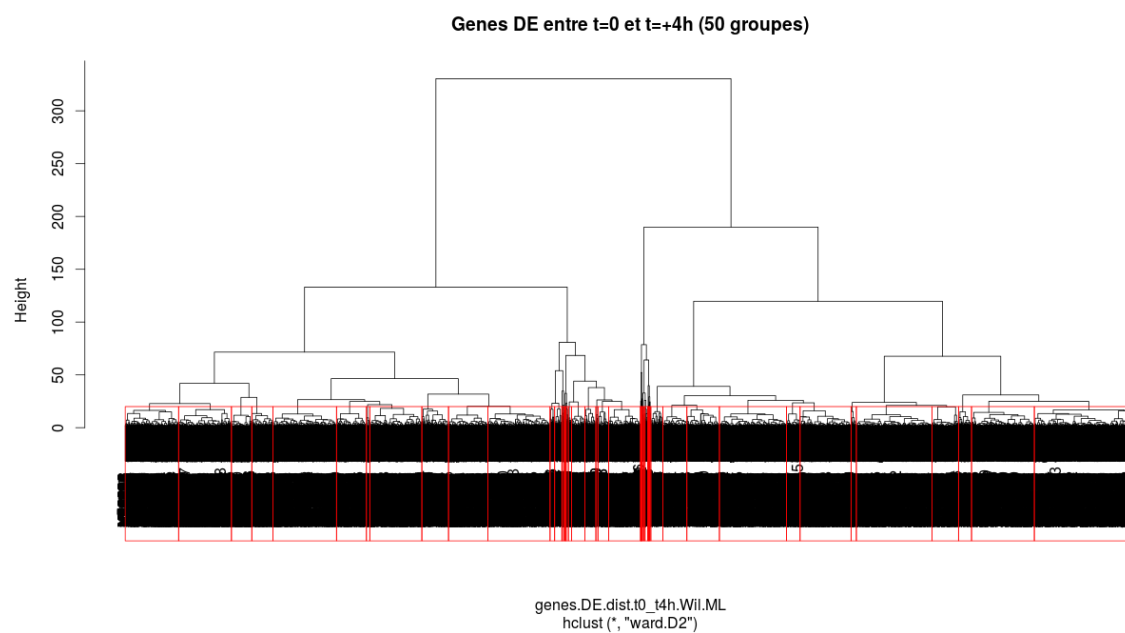


FIGURE F.2. – CAH sur les gènes différentiels entre $t = 0$ et $t = +4h$ par cluster

G. Résultats des tests d'enrichissement par cluster pour les gènes différentiels avec des tests de Wilcoxon pour $t = +24h$ au seuil 1%

Groupe 1 (effectif = 195)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0006695	cholesterol biosynthetic process	39	5	0.34	2.2e-05
2	GO :0006614	SRP-dependent cotranslational protein targeting to membrane	103	6	0.90	0.00029
3	GO :0000184	nuclear-transcribed mRNA catabolic process, nonsense-mediated decay	111	6	0.97	0.00043
4	GO :0008299	isoprenoid biosynthetic process	19	3	0.17	0.00058
5	GO :0019083	viral transcription	167	7	1.47	0.00066
6	GO :0044237	cellular metabolic process	7806	88	68.56	0.00198
7	GO :0048793	pronephros development	8	2	0.07	0.00207
8	GO :0022904	respiratory electron transport chain	114	5	1.00	0.00328
9	GO :0045836	positive regulation of meiotic nuclear division	11	2	0.10	0.00399
10	GO :0006413	translational initiation	232	7	2.04	0.00432
11	GO :0009642	response to light intensity	12	2	0.11	0.00476
12	GO :0021762	substantia nigra development	40	3	0.35	0.00514
13	GO :0042992	negative regulation of transcription factor import into nucleus	41	3	0.36	0.00551
14	GO :0046827	positive regulation of protein export from nucleus	13	2	0.11	0.00560
15	GO :0006418	tRNA aminoacylation for protein translation	42	3	0.37	0.00590
16	GO :0034470	ncRNA processing	246	7	2.16	0.00593
17	GO :0033197	response to vitamin E	15	2	0.13	0.00745
18	GO :0042921	glucocorticoid receptor signaling pathway	15	2	0.13	0.00745
19	GO :0043124	negative regulation of I-kappaB kinase/NF-kappaB signaling	47	3	0.41	0.00807
20	GO :1902600	hydrogen ion transmembrane transport	91	4	0.80	0.00838
21	GO :0071599	otic vesicle development	16	2	0.14	0.00846

Groupe 2 (effectif = 132)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0042744	hydrogen peroxide catabolic process	19	3	0.12	0.00021
2	GO :0007220	Notch receptor processing	20	3	0.13	0.00025
3	GO :0006614	SRP-dependent cotranslational protein targeting to membrane	103	5	0.64	0.00046
4	GO :0000184	nuclear-transcribed mRNA catabolic process, nonsense-mediated decay	111	5	0.70	0.00065
5	GO :0002573	myeloid leukocyte differentiation	170	6	1.06	0.00067
6	GO :0051436	negative regulation of ubiquitin-protein ligase activity involved in mitotic cell cycle	65	4	0.41	0.00072
7	GO :0006782	protoporphyrinogen IX biosynthetic process	7	2	0.04	0.00080
8	GO :0019068	virion assembly	30	3	0.19	0.00085
9	GO :0051437	positive regulation of ubiquitin-protein ligase activity involved in regulation of mitotic cell cycle transition	69	4	0.43	0.00090
10	GO :0000209	protein polyubiquitination	184	6	1.15	0.00102
11	GO :0015671	oxygen transport	9	2	0.06	0.00135
12	GO :0019082	viral protein processing	10	2	0.06	0.00169
13	GO :2001237	negative regulation of extrinsic apoptotic signaling pathway	85	4	0.53	0.00196
14	GO :0010998	regulation of translational initiation by eIF2 alpha phosphorylation	11	2	0.07	0.00205
15	GO :0006413	translational initiation	232	8	1.45	0.00227
16	GO :0051895	negative regulation of focal adhesion assembly	12	2	0.08	0.00245
17	GO :0006415	translational termination	153	5	0.96	0.00269
18	GO :0042274	ribosomal small subunit biogenesis	45	3	0.28	0.00277
19	GO :0033013	tetrapyrrole metabolic process	57	5	0.36	0.00348
20	GO :0005978	glycogen biosynthetic process	49	3	0.31	0.00354
21	GO :0019083	viral transcription	167	5	1.05	0.00391
22	GO :0051900	regulation of mitochondrial depolarization	16	2	0.10	0.00439
23	GO :0043618	regulation of transcription from RNA polymerase II promoter in response to stress	53	3	0.33	0.00442
24	GO :0000302	response to reactive oxygen species	174	5	1.09	0.00466
25	GO :0006414	translational elongation	176	5	1.10	0.00489
26	GO :0061136	regulation of proteasomal protein catabolic process	178	5	1.11	0.00512
27	GO :0031145	anaphase-promoting complex-dependent proteasomal ubiquitin-dependent protein catabolic process	111	4	0.70	0.00513
28	GO :0048011	neurotrophin TRK receptor signaling pathway	255	6	1.60	0.00520
29	GO :0034599	cellular response to oxidative stress	180	5	1.13	0.00537

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
30	GO :0072332	intrinsic apoptotic signaling pathway by p53 class mediator	57	3	0.36	0.00542
31	GO :0090263	positive regulation of canonical Wnt signaling pathway	115	4	0.72	0.00581
32	GO :0034101	erythrocyte homeostasis	102	6	0.64	0.00619
33	GO :0010460	positive regulation of heart rate	20	2	0.13	0.00684
34	GO :0045648	positive regulation of erythrocyte differentiation	20	2	0.13	0.00684
35	GO :0006977	DNA damage response, signal transduction by p53 class mediator resulting in cell cycle arrest	62	3	0.39	0.00685
36	GO :0050880	regulation of blood vessel size	122	4	0.76	0.00715
37	GO :0060216	definitive hemopoiesis	22	2	0.14	0.00824
38	GO :0016197	endosomal transport	200	5	1.25	0.00830
39	GO :0030512	negative regulation of transforming growth factor beta receptor signaling pathway	67	3	0.42	0.00849
40	GO :0070972	protein localization to endoplasmic reticulum	127	7	0.80	0.00872
41	GO :0002479	antigen processing and presentation of exogenous peptide antigen via MHC class I, TAP-dependent	68	3	0.43	0.00884
42	GO :0048821	erythrocyte development	23	2	0.14	0.00899
43	GO :0044281	small molecule metabolic process	1994	21	12.49	0.00940
44	GO :0043114	regulation of vascular permeability	24	2	0.15	0.00977
45	GO :0051897	positive regulation of protein kinase B signaling	71	3	0.44	0.00995

Groupe 3 (effectif = 56)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0002320	lymphoid progenitor cell differentiation	18	2	0.05	0.0012
2	GO :0030217	T cell differentiation	172	4	0.49	0.0014
3	GO :0031111	negative regulation of microtubule polymerization or depolymerization	28	2	0.08	0.0028
4	GO :0007019	microtubule depolymerization	29	2	0.08	0.0030
5	GO :0010942	positive regulation of cell death	526	6	1.50	0.0034
6	GO :0043551	regulation of phosphatidylinositol 3-kinase activity	31	2	0.09	0.0035
7	GO :0046854	phosphatidylinositol phosphorylation	32	2	0.09	0.0037
8	GO :0002065	columnar/cuboidal epithelial cell differentiation	112	3	0.32	0.0039
9	GO :0048511	rhythmic process	271	4	0.77	0.0071
10	GO :0031341	regulation of cell killing	45	2	0.13	0.0072
11	GO :1903708	positive regulation of hemopoiesis	140	3	0.40	0.0072
12	GO :0031060	regulation of histone methylation	47	2	0.13	0.0079

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
13	GO :0032024	positive regulation of insulin secretion	48	2	0.14	0.0082
14	GO :0014068	positive regulation of phosphatidylinositol 3-kinase signaling	49	2	0.14	0.0085
15	GO :0031018	endocrine pancreas development	49	2	0.14	0.0085
16	GO :0051881	regulation of mitochondrial membrane potential	49	2	0.14	0.0085

Groupe 4 (effectif = 218)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0006614	SRP-dependent cotranslational protein targeting to membrane	103	9	0.95	4.1e-07
2	GO :0000184	nuclear-transcribed mRNA catabolic process, nonsense-mediated decay	111	9	1.02	7.8e-07
3	GO :0006413	translational initiation	232	12	2.13	1.4e-06
4	GO :0019083	viral transcription	167	10	1.53	3.0e-06
5	GO :0006415	translational termination	153	9	1.41	1.1e-05
6	GO :0006612	protein targeting to membrane	171	15	1.57	2.4e-05
7	GO :0006414	translational elongation	176	9	1.62	3.4e-05
8	GO :0006695	cholesterol biosynthetic process	39	4	0.36	0.00043
9	GO :0044804	nucleophagy	18	3	0.17	0.00056
10	GO :0008299	isoprenoid biosynthetic process	19	3	0.17	0.00066
11	GO :1902600	hydrogen ion transmembrane transport	91	5	0.84	0.00149
12	GO :0032471	negative regulation of endoplasmic reticulum calcium ion concentration	7	2	0.06	0.00171
13	GO :0043653	mitochondrial fragmentation involved in apoptotic process	8	2	0.07	0.00226
14	GO :0000422	mitochondrion degradation	150	6	1.38	0.00258
15	GO :0060056	mammary gland involution	9	2	0.08	0.00289
16	GO :0042475	odontogenesis of dentin-containing tooth	68	4	0.62	0.00350
17	GO :0046686	response to cadmium ion	35	3	0.32	0.00399
18	GO :0072659	protein localization to plasma membrane	165	6	1.52	0.00413
19	GO :0043090	amino acid import	11	2	0.10	0.00436
20	GO :0019852	L-ascorbic acid metabolic process	11	2	0.10	0.00436
21	GO :0007568	aging	228	7	2.10	0.00504
22	GO :0055114	oxidation-reduction process	887	16	8.15	0.00700
23	GO :0006995	cellular response to nitrogen starvation	14	2	0.13	0.00709

Groupe 5 (effectif = 159)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0000184	nuclear-transcribed mRNA catabolic process, nonsense-mediated decay	111	13	0.95	9.0e-12
2	GO :0006614	SRP-dependent cotranslational protein targeting to membrane	103	12	0.88	6.3e-11
3	GO :0006413	translational initiation	232	14	1.98	9.8e-09
4	GO :0006414	translational elongation	176	12	1.50	3.1e-08
5	GO :0006415	translational termination	153	11	1.31	7.0e-08
6	GO :0019083	viral transcription	167	11	1.43	1.7e-07
7	GO :0051764	actin crosslink formation	7	2	0.06	0.0015
8	GO :0016584	nucleosome positioning	7	2	0.06	0.0015
9	GO :0006188	IMP biosynthetic process	7	2	0.06	0.0015
10	GO :0007628	adult walking behavior	31	3	0.26	0.0023
11	GO :0006144	purine nucleobase metabolic process	33	3	0.28	0.0027
12	GO :1901160	primary amino compound metabolic process	10	2	0.09	0.0031
13	GO :0006695	cholesterol biosynthetic process	39	3	0.33	0.0044
14	GO :0009116	nucleoside metabolic process	246	7	2.10	0.0051
15	GO :0006417	regulation of translation	248	7	2.12	0.0053
16	GO :0006418	tRNA aminoacylation for protein translation	42	3	0.36	0.0055
17	GO :0006995	cellular response to nitrogen starvation	14	2	0.12	0.0061
18	GO :0006720	isoprenoid metabolic process	89	4	0.76	0.0070

Groupe 6 (effectif = 6)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0045040	protein import into mitochondrial outer membrane	5	1	0.00	0.00081
2	GO :0045078	positive regulation of interferon-gamma biosynthetic process	12	1	0.00	0.00195
3	GO :0051131	chaperone-mediated protein complex assembly	15	1	0.00	0.00244
4	GO :0046641	positive regulation of alpha-beta T cell proliferation	18	1	0.00	0.00293
5	GO :0042026	protein refolding	20	1	0.00	0.00325
6	GO :0042088	T-helper 1 type immune response	30	1	0.00	0.00487
7	GO :0045429	positive regulation of nitric oxide biosynthetic process	33	1	0.01	0.00536
8	GO :1900034	regulation of cellular response to heat	34	1	0.01	0.00552
9	GO :0050999	regulation of nitric-oxide synthase activity	40	1	0.01	0.00650

Groupe 7 (effectif = 43)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0002576	platelet degranulation	81	4	0.13	6.3e-06
2	GO :0030168	platelet activation	219	4	0.34	0.00031
3	GO :0032369	negative regulation of lipid trans- port	23	2	0.04	0.00056
4	GO :0010743	regulation of macrophage derived foam cell differentiation	24	2	0.04	0.00061
5	GO :0090303	positive regulation of wound healing	39	2	0.06	0.00162
6	GO :0032760	positive regulation of tumor necrosis factor production	44	2	0.07	0.00206
7	GO :0019935	cyclic-nucleotide-mediated signaling	53	2	0.08	0.00297
8	GO :0010595	positive regulation of endothelial cell migration	54	2	0.08	0.00309
9	GO :0001938	positive regulation of endothelial cell proliferation	56	2	0.09	0.00331
10	GO :0016525	negative regulation of angiogenesis	58	2	0.09	0.00355
11	GO :0002690	positive regulation of leukocyte che- motaxis	60	2	0.09	0.00380
12	GO :0008625	extrinsic apoptotic signaling path- way via death domain receptors	64	2	0.10	0.00431
13	GO :0071621	granulocyte chemotaxis	67	2	0.10	0.00471
14	GO :0007044	cell-substrate junction assembly	74	2	0.11	0.00572
15	GO :0031589	cell-substrate adhesion	253	3	0.39	0.00653
16	GO :0007015	actin filament organization	260	3	0.40	0.00705
17	GO :2001237	negative regulation of extrinsic apoptotic signaling pathway	85	2	0.13	0.00748
18	GO :0038027	apolipoprotein A-I-mediated signa- ling pathway	5	1	0.01	0.00770
19	GO :1903960	negative regulation of anion trans- membrane transport	5	1	0.01	0.00770
20	GO :0015911	plasma membrane long-chain fatty acid transport	5	1	0.01	0.00770
21	GO :0043652	engulfment of apoptotic cell	5	1	0.01	0.00770
22	GO :0045766	positive regulation of angiogenesis	90	2	0.14	0.00835
23	GO :0071476	cellular hypotonic response	6	1	0.01	0.00924
24	GO :0032509	endosome transport via multivesicu- lar body sorting pathway	6	1	0.01	0.00924
25	GO :0032914	positive regulation of transforming growth factor beta1 production	6	1	0.01	0.00924
26	GO :0010871	negative regulation of receptor bio- synthetic process	6	1	0.01	0.00924
27	GO :0045347	negative regulation of MHC class II biosynthetic process	6	1	0.01	0.00924
28	GO :0050748	negative regulation of lipoprotein metabolic process	6	1	0.01	0.00924

Groupe 8 (effectif = 7)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0032715	negative regulation of interleukin-6 production	28	2	0.01	3.0e-05
2	GO :0048661	positive regulation of smooth muscle cell proliferation	49	2	0.02	9.3e-05
3	GO :0043280	positive regulation of cysteine-type endopeptidase activity involved in apoptotic process	98	2	0.03	0.00037
4	GO :0002676	regulation of chronic inflammatory response	9	2	0.00	0.00098
5	GO :0045765	regulation of angiogenesis	162	2	0.05	0.00102
6	GO :0070663	regulation of leukocyte proliferation	167	2	0.05	0.00108
7	GO :0002439	chronic inflammatory response to antigenic stimulus	5	1	0.00	0.00163
8	GO :2000347	positive regulation of hepatocyte proliferation	5	1	0.00	0.00163
9	GO :0006927	transformed cell apoptotic process	5	1	0.00	0.00163
10	GO :0002158	osteoclast proliferation	5	1	0.00	0.00163
11	GO :0061042	vascular wound healing	5	1	0.00	0.00163
12	GO :0034135	regulation of toll-like receptor 2 signaling pathway	5	1	0.00	0.00163
13	GO :0002677	negative regulation of chronic inflammatory response	5	1	0.00	0.00163
14	GO :0060558	regulation of calcdiol 1-monooxygenase activity	5	1	0.00	0.00163
15	GO :0070424	regulation of nucleotide-binding oligomerization domain containing signaling pathway	5	1	0.00	0.00163
16	GO :0002740	negative regulation of cytokine secretion involved in immune response	5	1	0.00	0.00163
17	GO :0023035	CD40 signaling pathway	5	1	0.00	0.00163
18	GO :0060664	epithelial cell proliferation involved in salivary gland morphogenesis	5	1	0.00	0.00163
19	GO :2001300	lipoxin metabolic process	5	1	0.00	0.00163
20	GO :0061046	regulation of branching involved in lung morphogenesis	6	1	0.00	0.00195
21	GO :0071316	cellular response to nicotine	6	1	0.00	0.00195
22	GO :0097527	necroptotic signaling pathway	6	1	0.00	0.00195
23	GO :0072567	chemokine (C-X-C motif) ligand 2 production	6	1	0.00	0.00195
24	GO :0042759	long-chain fatty acid biosynthetic process	7	1	0.00	0.00228
25	GO :0002925	positive regulation of humoral immune response mediated by circulating immunoglobulin	7	1	0.00	0.00228
26	GO :2000010	positive regulation of protein localization to cell surface	7	1	0.00	0.00228
27	GO :0090331	negative regulation of platelet aggregation	7	1	0.00	0.00228

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
28	GO :0045416	positive regulation of interleukin-8 biosynthetic process	7	1	0.00	0.00228

Groupe 9 (effectif = 18)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0000086	G2/M transition of mitotic cell cycle	152	3	0.14	0.00028
2	GO :0070120	ciliary neurotrophic factor-mediated signaling pathway	5	1	0.00	0.00447
3	GO :0007126	meiotic nuclear division	123	2	0.11	0.00515
4	GO :0061050	regulation of cell growth involved in cardiac muscle cell development	6	1	0.01	0.00536
5	GO :0048304	positive regulation of isotype switching to IgG isotypes	7	1	0.01	0.00625
6	GO :0030259	lipid glycosylation	9	1	0.01	0.00802
7	GO :0032825	positive regulation of natural killer cell differentiation	10	1	0.01	0.00891
8	GO :0033089	positive regulation of T cell differentiation in thymus	11	1	0.01	0.00980

Groupe 10 (effectif = 10)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :0048660	regulation of smooth muscle cell proliferation	77	2	0.03	0.00038
2	GO :0008217	regulation of blood pressure	140	3	0.06	0.00071
3	GO :0007584	response to nutrient	165	2	0.07	0.00174
4	GO :2000427	positive regulation of apoptotic cell clearance	5	1	0.00	0.00203
5	GO :0003105	negative regulation of glomerular filtration	5	1	0.00	0.00203
6	GO :0002158	osteoclast proliferation	5	1	0.00	0.00203
7	GO :0031394	positive regulation of prostaglandin biosynthetic process	5	1	0.00	0.00203
8	GO :0090336	positive regulation of brown fat cell differentiation	6	1	0.00	0.00244
9	GO :0090050	positive regulation of cell migration involved in sprouting angiogenesis	6	1	0.00	0.00244
10	GO :0009820	alkaloid metabolic process	7	1	0.00	0.00284
11	GO :0031622	positive regulation of fever generation	7	1	0.00	0.00284
12	GO :1902668	negative regulation of axon guidance	9	1	0.00	0.00365
13	GO :0009750	response to fructose	9	1	0.00	0.00365
14	GO :0030157	pancreatic juice secretion	10	1	0.00	0.00406
15	GO :0019372	lipoxigenase pathway	10	1	0.00	0.00406
16	GO :0071318	cellular response to ATP	10	1	0.00	0.00406

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
17	GO :0019371	cyclooxygenase pathway	11	1	0.00	0.00447
18	GO :0010042	response to manganese ion	12	1	0.00	0.00487
19	GO :0035810	positive regulation of urine volume	12	1	0.00	0.00487
20	GO :0045986	negative regulation of smooth muscle contraction	13	1	0.01	0.00528
21	GO :0072112	glomerular visceral epithelial cell differentiation	13	1	0.01	0.00528
22	GO :0032225	regulation of synaptic transmission, dopaminergic	13	1	0.01	0.00528
23	GO :0051968	positive regulation of synaptic transmission, glutamatergic	15	1	0.01	0.00609
24	GO :0071636	positive regulation of transforming growth factor beta production	15	1	0.01	0.00609
25	GO :0051000	positive regulation of nitric-oxide synthase activity	16	1	0.01	0.00649
26	GO :0071498	cellular response to fluid shear stress	17	1	0.01	0.00689
27	GO :0031290	retinal ganglion cell axon guidance	17	1	0.01	0.00689
28	GO :0046697	decidualization	18	1	0.01	0.00730
29	GO :0007194	negative regulation of adenylate cyclase activity	18	1	0.01	0.00730
30	GO :0030728	ovulation	20	1	0.01	0.00811
31	GO :0033688	regulation of osteoblast proliferation	20	1	0.01	0.00811
32	GO :0042346	positive regulation of NF-kappaB import into nucleus	21	1	0.01	0.00851
33	GO :0045987	positive regulation of smooth muscle contraction	22	1	0.01	0.00891
34	GO :0010575	positive regulation vascular endothelial growth factor production	23	1	0.01	0.00932
35	GO :0006911	phagocytosis, engulfment	24	1	0.01	0.00972
36	GO :0030449	regulation of complement activation	24	1	0.01	0.00972

Groupe 11 (effectif = 4)

No significant GO

Groupe 12 (effectif = 6)

num	GO.ID	Term	Ann	Sign	Exp	p-val
1	GO :2000427	positive regulation of apoptotic cell clearance	5	1	0.00	0.00081
2	GO :0030449	regulation of complement activation	24	1	0.00	0.00390
3	GO :0006958	complement activation, classical pathway	27	1	0.00	0.00439

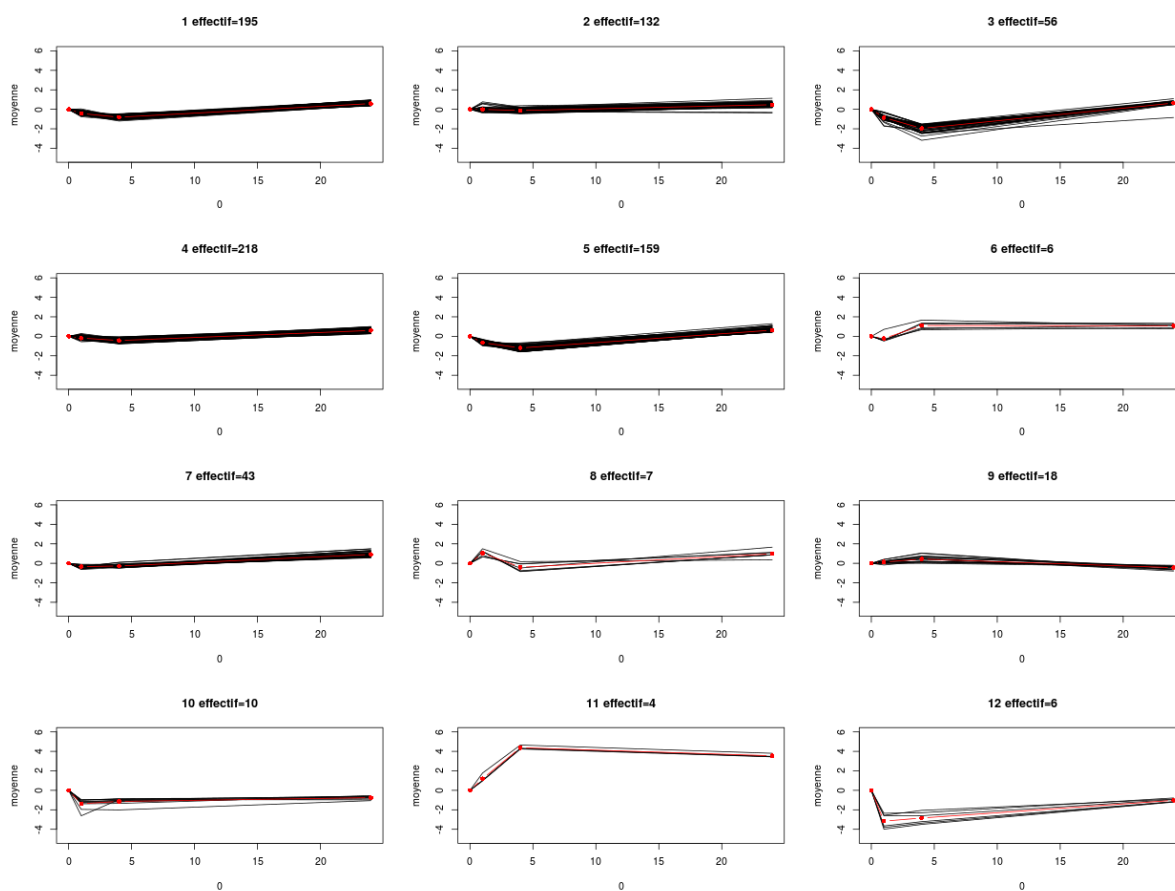


FIGURE G.1. – Evolution des gènes différentiels entre $t = 0$ et $t = +24h$ par cluster

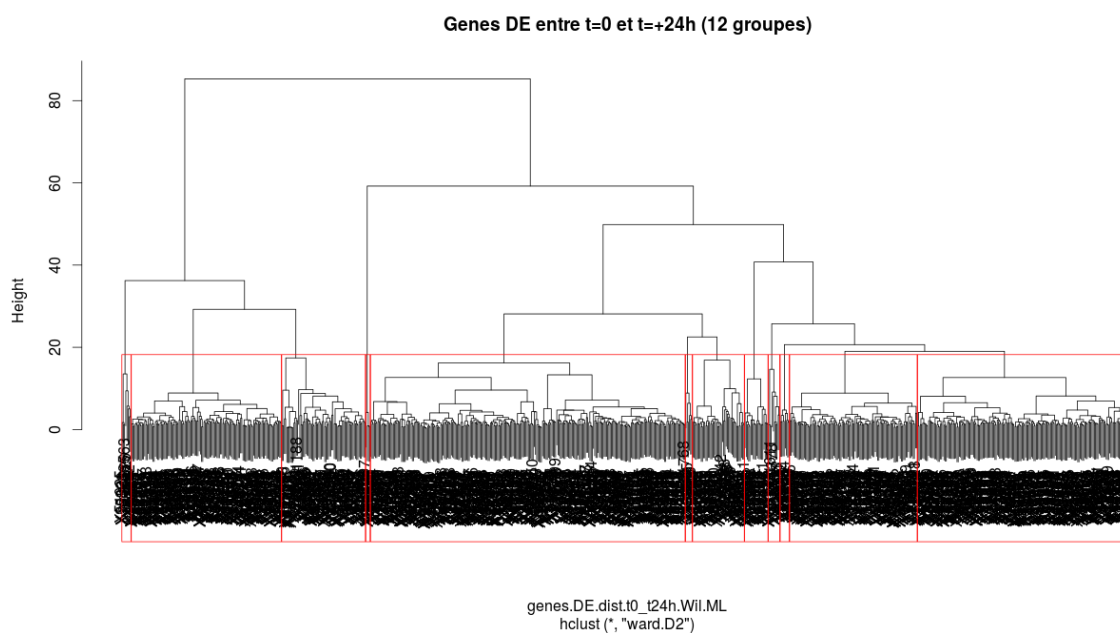


FIGURE G.2. – CAH sur les gènes différentiels entre $t = 0$ et $t = +24h$ par cluster

H. Heatmaps sur les gènes différentiels selon l'ANCOVA sans la normalisation par pas de temps

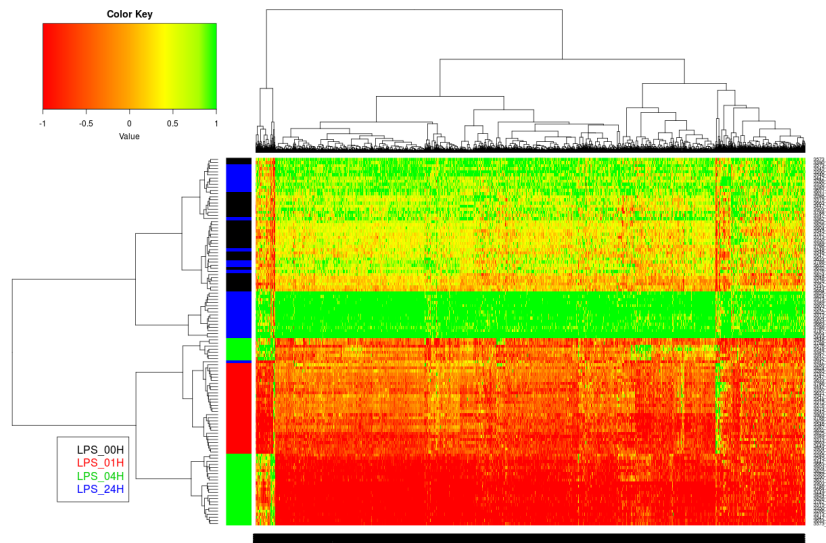


FIGURE H.1. – Heatmap sur l'ensemble des gènes différentiels (21124 gènes)

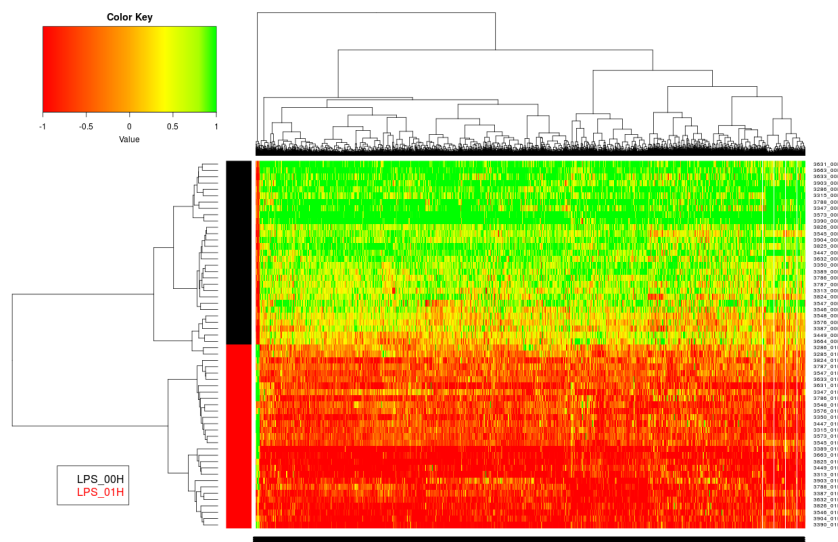


FIGURE H.2. – Heatmap sur l'ensemble des gènes différentiels entre $t = 0$ et $t = +1h$ (18208 gènes)

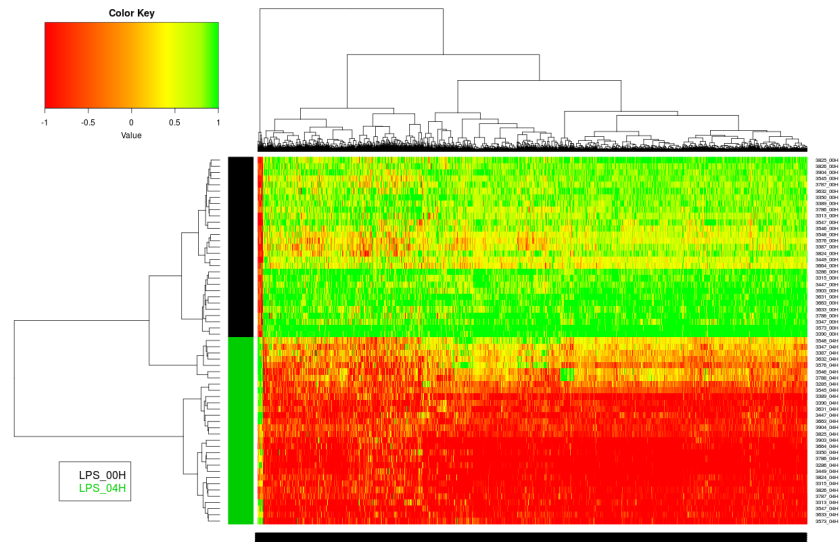


FIGURE H.3. – Heatmap sur l'ensemble des gènes différentiels entre $t = 0$ et $t = +4h$ (19520 gènes)

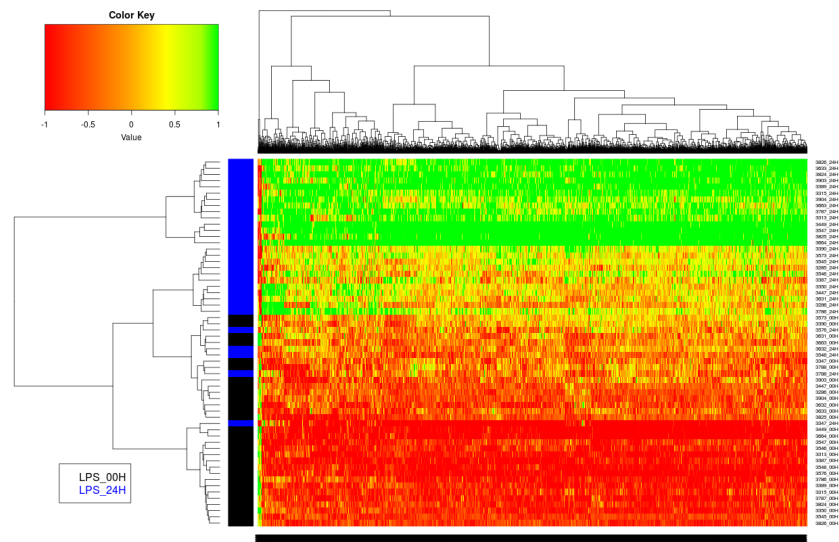


FIGURE H.4. – Heatmap sur l'ensemble des gènes différentiels entre $t = 0$ et $t = +24h$ (3998 gènes)

I. Heatmaps sur les gènes différentiels selon l'ANCOVA avec la normalisation par pas de temps

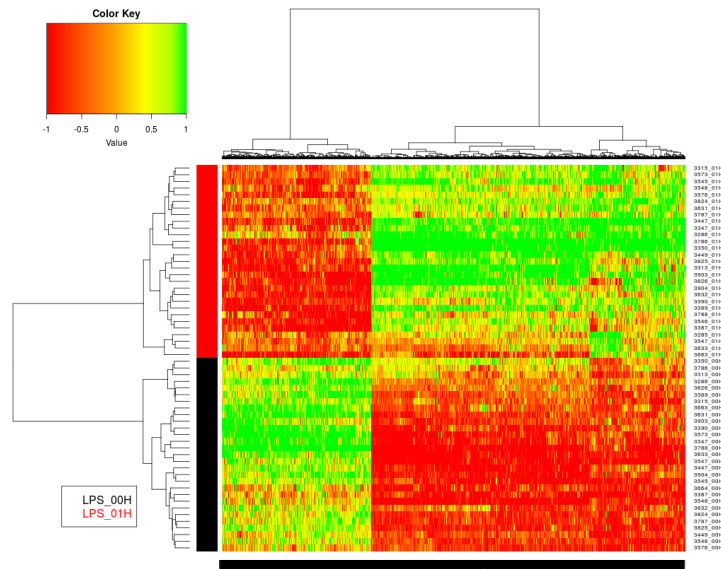


FIGURE I.1. – Heatmap sur les gènes différentiels entre $t = 0$ et $t = +1h$ après une normalisation par pas de temps (4194 gènes)

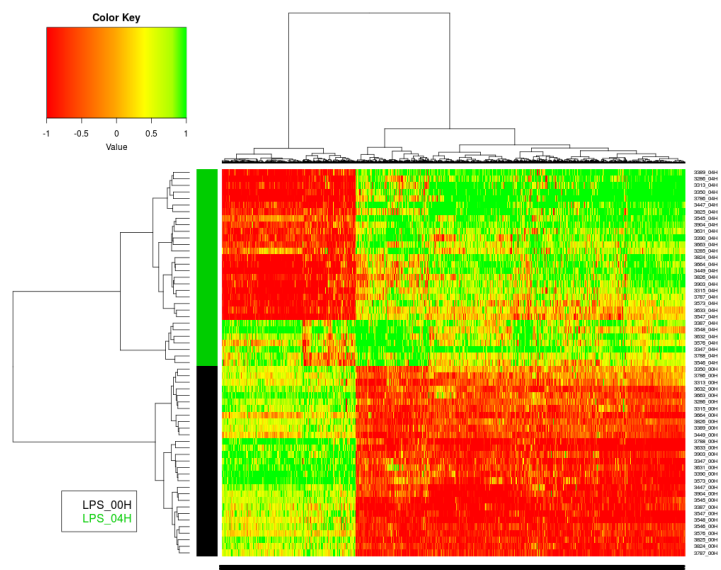


FIGURE I.2. – Heatmap sur les gènes différentiels entre $t = 0$ et $t = +4h$ après une normalisation par pas de temps (7053 gènes)

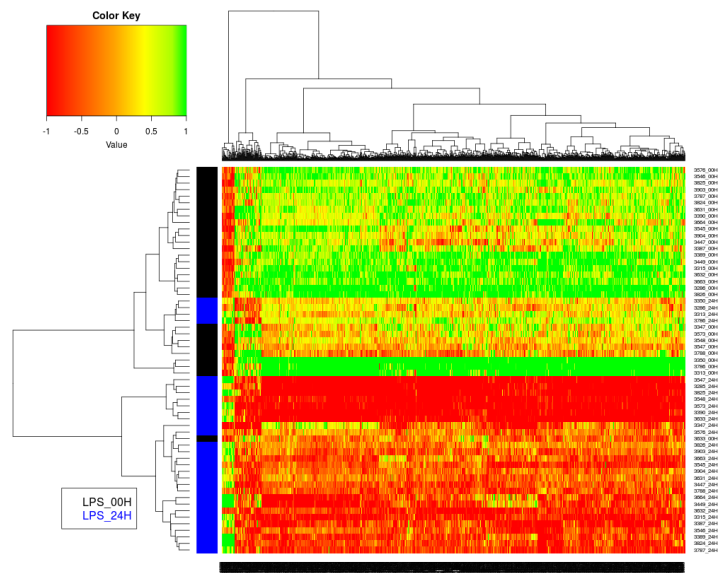


FIGURE I.3. – Heatmap sur les gènes différentiels entre $t = 0$ et $t = +24$ h après une normalisation par pas de temps (1569 gènes)

Bibliographie

- [1] Lise Bellanger and Richard Tomassone. Exploration de données et méthodes statistiques : Data analysis and data mining avec le logiciel r. pages 258–260, 2014.
- [2] Yoav Benjamini and Yosef Hochberg. Controlling the false discovery rate : A practical and powerful approach to multiple testing. *Journal of the Royal Statistical Society. Series B (Methodological)*, 57(1) :289–300, 1995.
- [3] B.M. Bolstad, R.A Irizarry, M. Åstrand, and T.P. Speed. A comparison of normalization methods for high density oligonucleotide array data based on variance and bias. *Bioinformatics*, 19(2) :185–193, 2003.
- [4] Kim-Anh Le Cao, Ignacio Gonzalez, and Sebastien Dejean. Multivariate projection methodologies for the exploration of large biological data sets. Tutorial in European Conference on Computational Biology (ECCB) 2014.
- [5] M. Gawaz. Platelets in inflammation and atherogenesis. *Journal of Clinical Investigation*, 115(12) :3378–3384, 2005.
- [6] Benoit Liquet, Kim-Anh Le Cao, Hakim Hocini, and Rodolphe Thiebaut. A novel approach for biomarker selection and the integration of repeated measures experiments from two assays. *BMC Bioinformatics*, 13(1) :325, 2012.
- [7] P. Mormede and E. Terenina. Molecular genetics of the adrenocortical axis and breeding for robustness. *Domestic Animal Endocrinology*, 43(2) :116 – 131, 2012.
- [8] Pierre Mormede, Stéphane Andanson, Benoit Auperin, Bonne Beerda, Daniel Guemene, Jens Malmkvist, Xavier Manteca, Gerhard Manteuffel, Patrick Prunet, Cornelis G. van Reenen, Sabine Richard, and Isabelle Veissier. Exploration of the hypothalamic–pituitary–adrenal function as a tool to evaluate animal welfare. *Physiology and Behavior*, 92(3) :317 – 339, 2007.
- [9] Jacqueline Tawse. Consumer attitudes towards farm animals and their welfare : a pig production case study. *Bioscience Horizons*, 3(2) :156–165, 2010.