

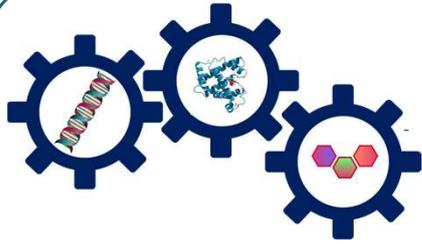
Afin d'optimiser l'interprétation des données générées par les plateformes de protéomique et génomique, l'Institut Cochin propose des prestations d'analyses fonctionnelles assurées par Morgane Le Gall

22 rue Méchain 75014

morgane.le-gall@inserm.fr

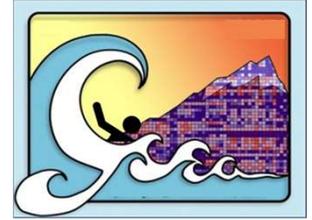
01 40 51 64 35

Public



Le service d'analyses fonctionnelles s'adresse aux porteurs de projets de :

- **Génomique** : puces, RNAseq, miRNome
- **Protéomique** : analyse différentielle, analyse globale, recherche de partenaires
- **Métabolomique**



Seul prérequis : les données doivent être traitées au niveau statistique

La formation et la mise en autonomie sur logiciels des porteurs de projet est privilégiée

Prestations

L'approche classique en matière d'analyse fonctionnelle « omic » consiste à réaliser des **enrichissements** dont il existe deux grands types :

- L'ORA : Over-Representation Analysis

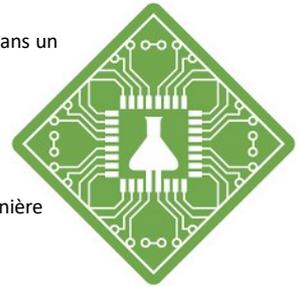
Permet de savoir si dans un jeu de n protéines ou gènes d'intérêt (préalablement sélectionné(s)) il y a plus d'éléments impliqués dans un terme (pathway, fonction biologique, maladie, compartiment cellulaire) que ce à quoi on serait en droit d'attendre.

Seule une liste d'identifiants est requise.

- Le GSEA : Gene Set Enrichment Analysis

Permet de savoir si les protéines/gènes les plus exprimé(s) ou les moins exprimé(s) d'un jeu de données sont impliqué(s) de manière préférentielle dans un terme (voie canonique, fonction moléculaire...).

Pas de sélection préalable (selon la p-value, la q-value ou le ratio), les valeurs d'expression sont requises.



Une autre approche consiste à réaliser des **réseaux d'interactions** : voir si les protéines d'intérêt interagissent entre elles et déterminer quels sont les processus biologiques sous-jacents.

Logiciels dédiés



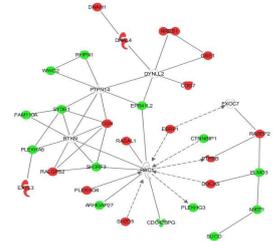
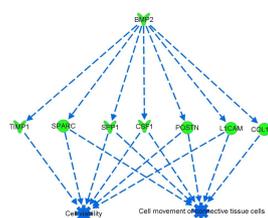
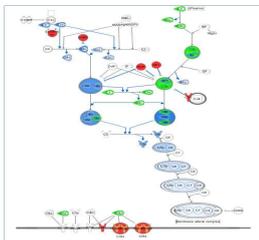
Le service a souscrit une licence **Ingenuity Pathway Analysis (IPA)** de Qiagen pour ses performances et sa facilité d'utilisation.

IPA exploite l'enrichissement de type « over-representation analysis » pour donner un sens biologique à une liste de transcrits ou de protéines différentiellement exprimé(e)s.

IPA identifie ainsi les voies de signalisation, les voies métaboliques, les fonctions biologiques les plus enrichies dans une analyse comparative.

IPA identifie également des régulateurs causaux pouvant moduler plusieurs protéines différentielles.

IPA génère aussi des réseaux d'interactions en connectant des protéines d'intérêt de manière directe ou indirecte par le biais de « hub ».



Le service propose également toute une gamme de solutions logicielles gratuites en ligne pour vous accompagner de l'analyse à la réalisation de réseaux, diagrammes et figures pour vos publications :

- **DAVID, PANTHER, FunRich, Enrichr, GeneTrail2, ClueGO** : logiciels d'ORA
- **GSEA, PSEA Quant** : logiciels procédant à du Gene/Protein Set Enrichment Analysis
- **String** : génération de réseaux d'interaction
- **Cytoscape** : génération de réseaux à façon
- **Reactome** : sa base de données d'icônes permet de réaliser de nouveaux pathways
- **Perseus** : réalisation d'« heat-map » et de « hierarchical clustering »...



Crapome & REPRINT



des logiciels dédiés aux expériences d'Immuno-Précipitation :

Identification de potentiels faux interactants

& réalisation de réseaux d'interactions appât – proies.

