

Recherche de biomarqueurs dans les urines et les plasmas de patients par une approche de protéomique quantitative

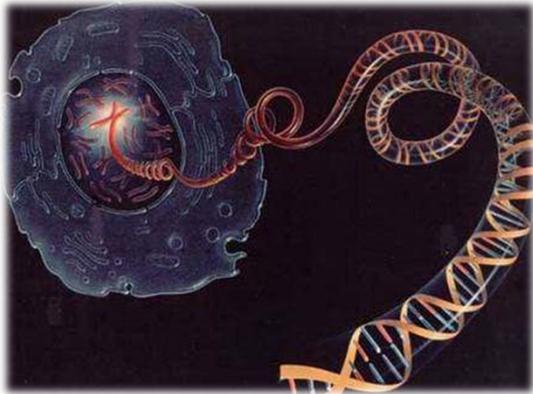
**Valérie Serre, Elodie Rousseau, Pierre Poulain, Jean-Michel Camadro,
Plateforme de Protéomique**

Institut Jacques Monod - Groupe « Mitochondries, métaux et stress oxydatif »

En collaboration avec l'équipe d'Alexandra Durr (ICM)

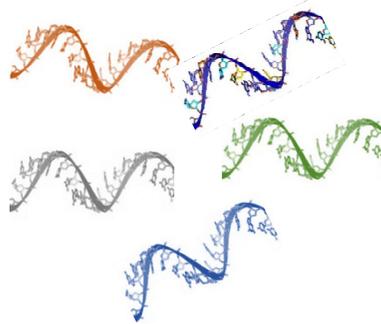
Du génome au protéome

Complexité croissante



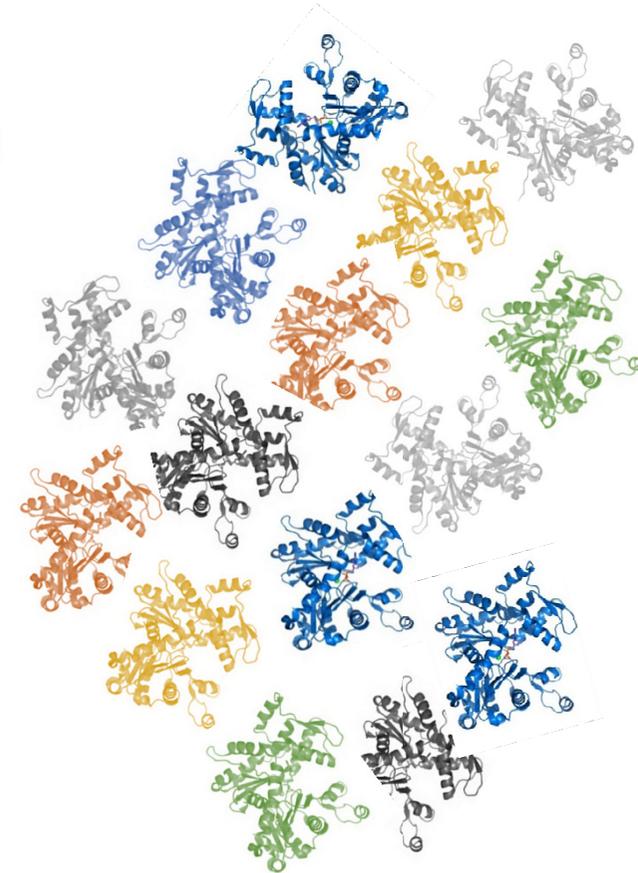
Génome
(~ 25 000 gènes)

Génomique



Transcriptome
(~ 100 000 transcrits)

Transcriptomique

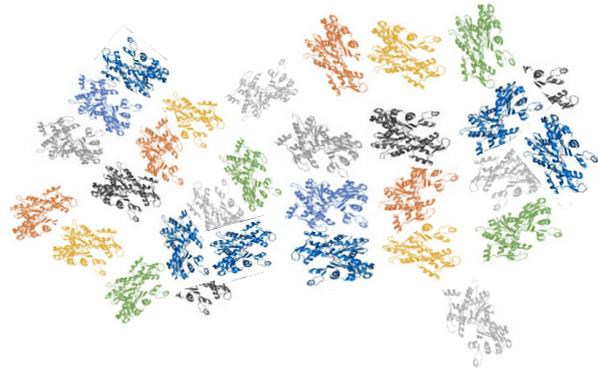


Protéome
(~ 1 000 000 protéines)

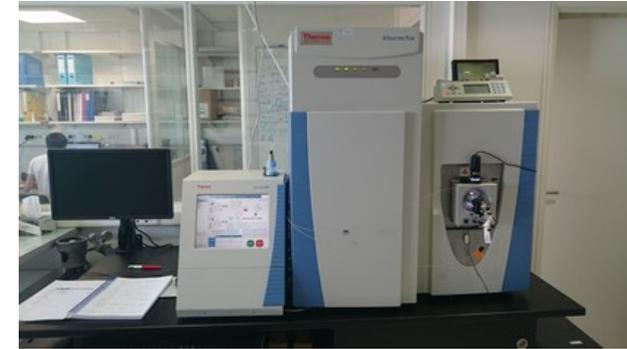
Protéomique

Le principe de la protéomique

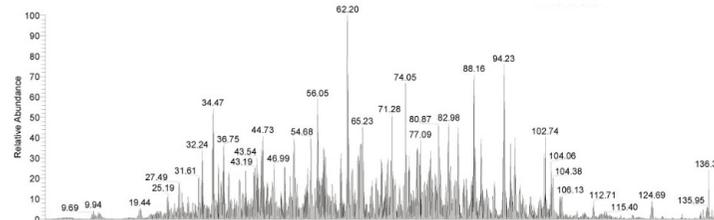
Tissu
Culture cellulaire
Fluide corporel



Extraction des protéines



Spectrométrie de masse



Identification des protéines

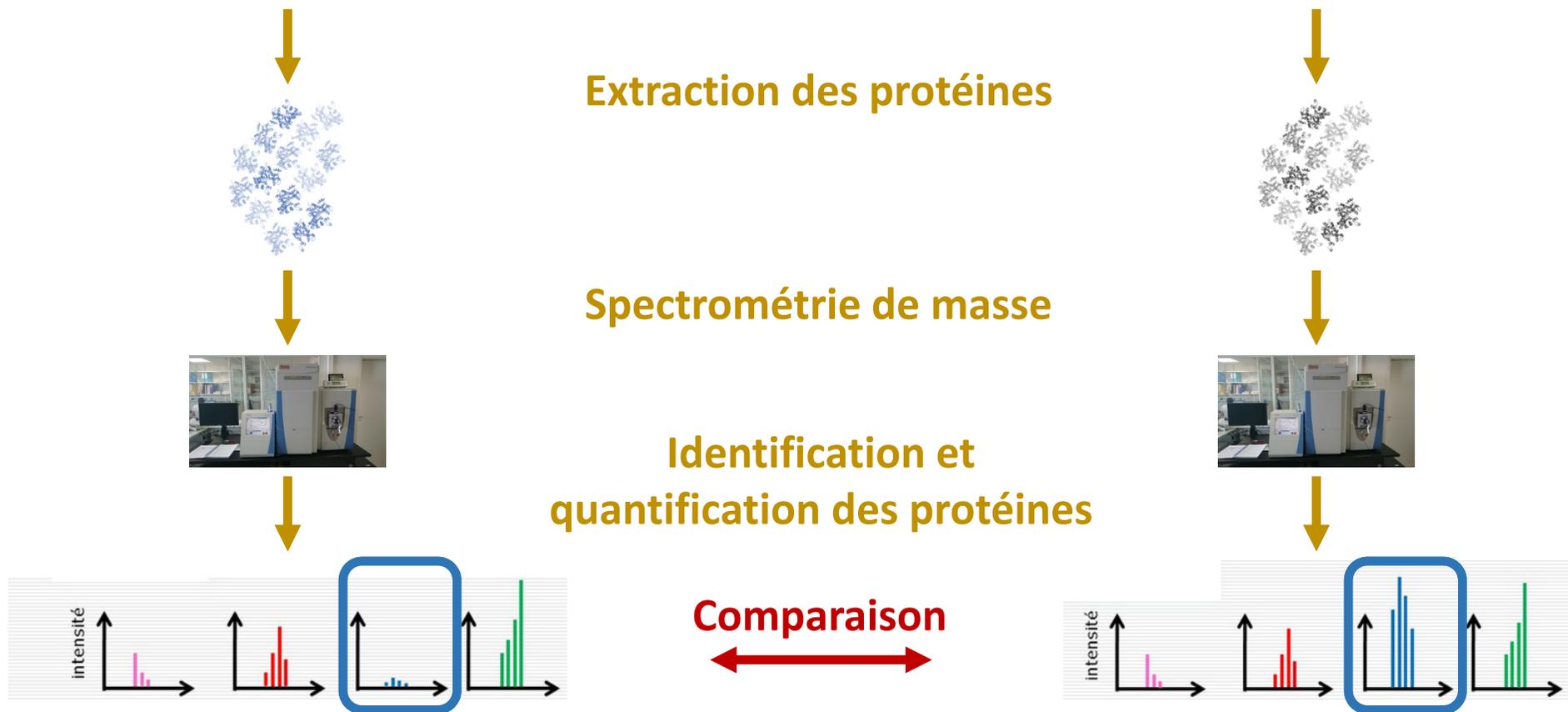


Analyse des données

Protéomique quantitative : caractérisation des protéines dont le niveau d'expression est modifié par le déficit en frataxine

Urines et plasmas de 3 patients AF

Urines et plasmas de 4 individus contrôles



Les premiers résultats

URINE

1299 protéines identifiées et quantifiées

52 protéines ont un niveau d'expression diminué chez les patients AF

32 protéines sont augmentées chez les patients AF

PLASMA

450 protéines identifiées et quantifiées

15 protéines ont un niveau d'expression diminué chez les patients AF

4 protéines sont augmentées chez les patients AF

3 protéines ayant un niveau d'expression différent entre les patients AF et les contrôles sont communes à l'urine et au plasma

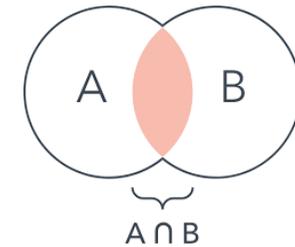
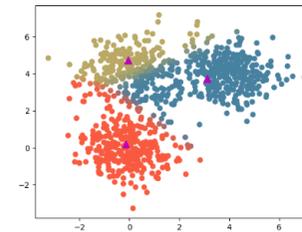
Analyse des données par une approche de bioinformatique

(Plateforme de Bioinformatique de l'Institut Curie, Institut Français de Bioinformatique)

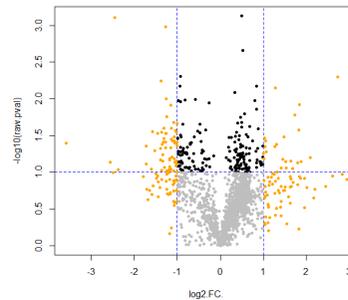
✓ **Contrôle qualité des données**



✓ **Analyse descriptive des données**



✓ **Analyse différentielle**



✓ **Analyse fonctionnelle**

