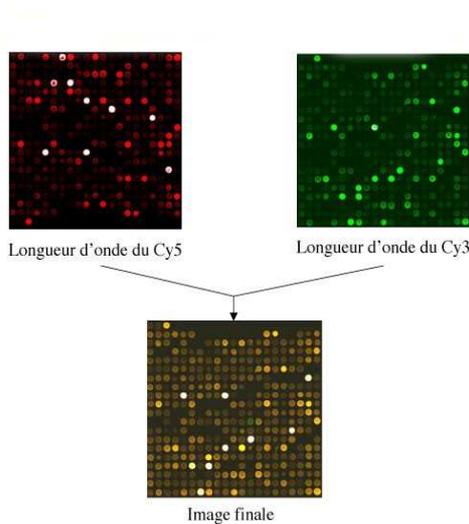




ANALYSE STATISTIQUE DES MICROARRAYS

De Graer Vincent
Département d'Informatique



Les microarrays, qu'est-ce que c'est ?

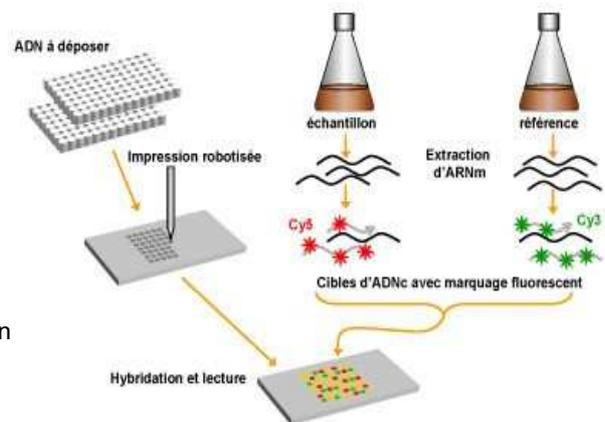
Aussi appelées puces à ADN, ce dispositif apparu dans les années 90 a permis une grande avancée dans le domaine de la recherche. Les microarrays permettent l'analyse de milliers de gènes simultanément et ceci à coût réduit.

A quoi ça sert ?

- **Recherche sur le cancer** : détection de « signatures » moléculaires de la transformation cancéreuse.
- **Diagnostic clinique** : aide à définir les prédispositions qu'a un patient à développer certaines maladies génétiques.
- **Génomique** : l'analyse rapide des gènes et de leurs fonctions permet d'avancer dans la recherche sur le génome humain.
- **Domaine industriel** :
 - Pharmacie : permet de déterminer si un médicament est efficace pour un patient.
 - Agroalimentaire : détection d'OGM, de toxines, ...

Les étapes importantes

- **La conception** : des fragments d'ADN appelés sondes sont placés sur une lame de verre. Ces sondes vont s'hybrider avec des cibles marquées qui sont prélevées sur les échantillons qu'on veut étudier.
- **Acquisition et analyse de l'image** : cette étape permet de passer de l'aspect matériel à l'aspect informatique. Il faut effectuer certains traitements sur les images obtenues, comme définir les coordonnées de chaque pixel, séparer les intensités et le bruit de fond.
- **Normalisation** : elle permet de corriger les biais techniques. Il y a deux étapes clés, le choix des gènes de normalisation et le choix de la méthode de normalisation.
- **Analyse statistique** : permet de définir les gènes qui sont différentiellement exprimés. Ceci à l'aide de tests statistiques et de détermination d'un seuil de significativité.
- **Classification** : les méthodes de classification se répartissent en deux catégories :
 - **supervisée** : elle a pour but de définir à quelle classe appartient un spécimen parmi plusieurs classes connues.
 - **non supervisée** : elle a pour but de rassembler des gènes qui ont des profils d'expressions similaires sous un même groupe. Ceci permet de découvrir les fonctions de certains gènes non connus en se basant sur les gènes qui sont dans le même groupe et dont la fonction est connue.



Sources images: bioinfo.unice.fr/enseignements/www2005/documentation/Session_Puces/Cours/PucesENS3.pdf et nicolas.curie.fr/WLin-these%20data/microarray-WLin-2004.pdf