

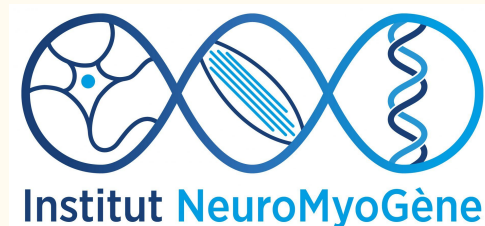
Papier ageing - Figure 1 partie bioinformatique

Partenariat des équipes de:

- Dr. Fabien LE GRAND
- Dr. Bénédicte CHAZAUD
- Dr. Jérôme FEIGE

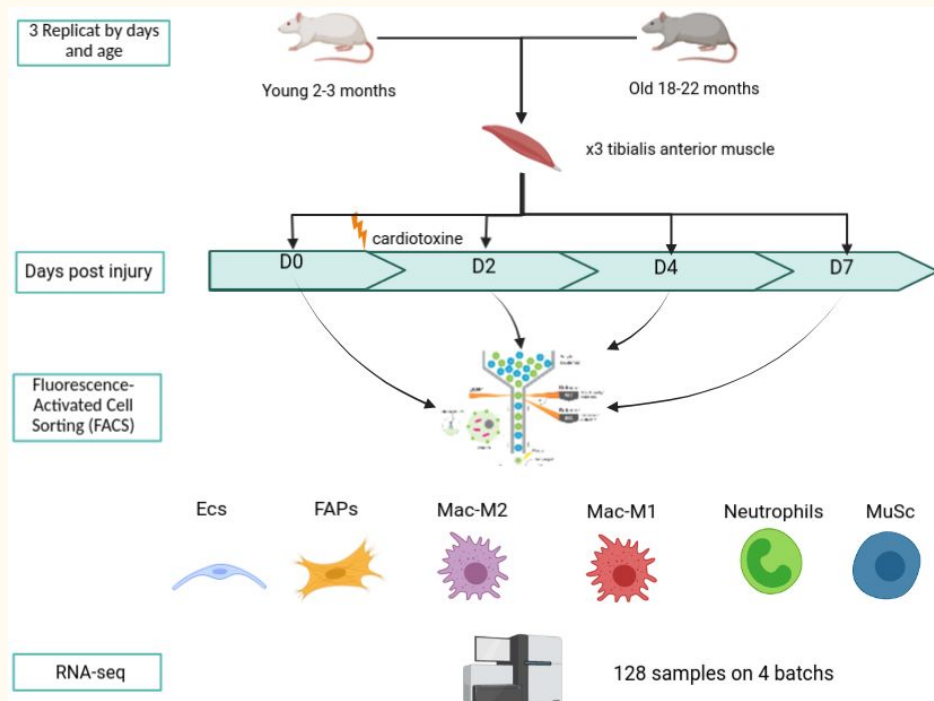
Contributeurs:

- PhD Hoang DIEU-HUONG
- IE Johanna GALVIS-LACROUX
- IE William JARASSIER
- IE Pauline MOULLÉ



RNA-seq de 6 types cellulaires au cours de la régénération du tissu musculaire de souris jeunes et âgées

Explorer l'expression du micro-environnement au cours de la régénération et trouver les différences entre les souris jeunes et âgées



Cell sequenced	D0	D2	D4	D7
ECs				
FAPs				
MuSc				
Neutrophils				
Inflammatory-Mac				
Resolving-Mac				

Figure 1

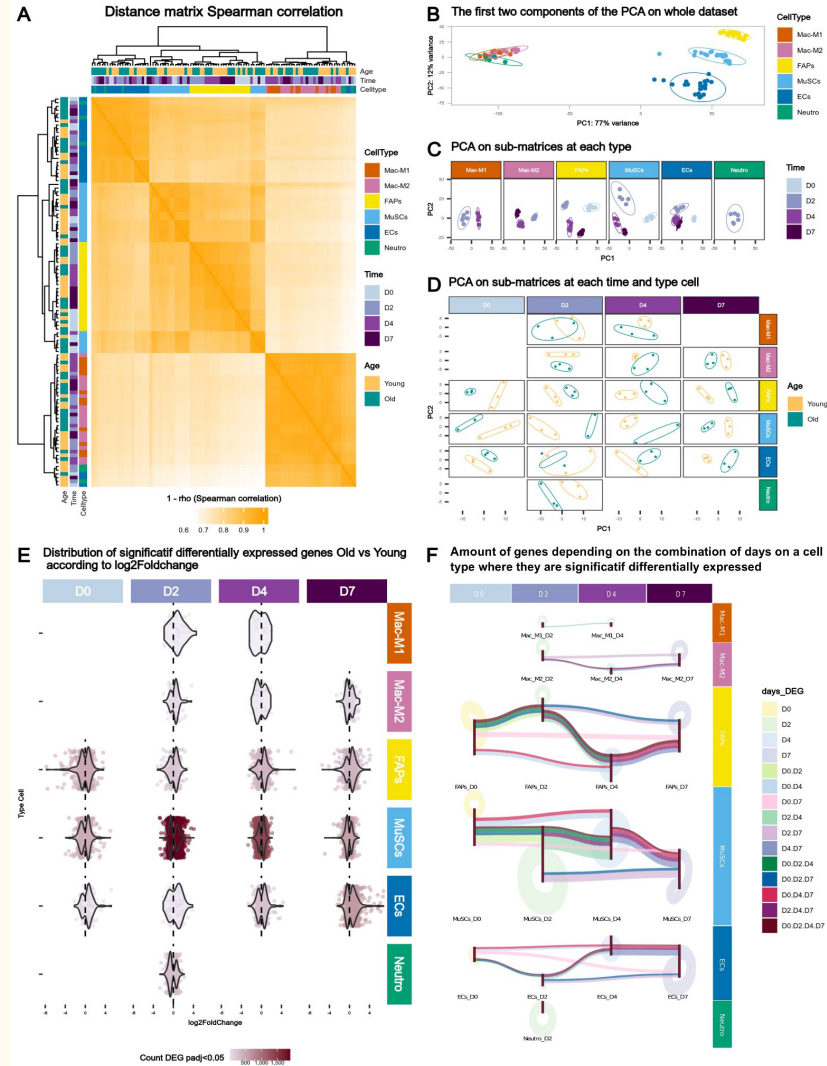


Figure 1-A

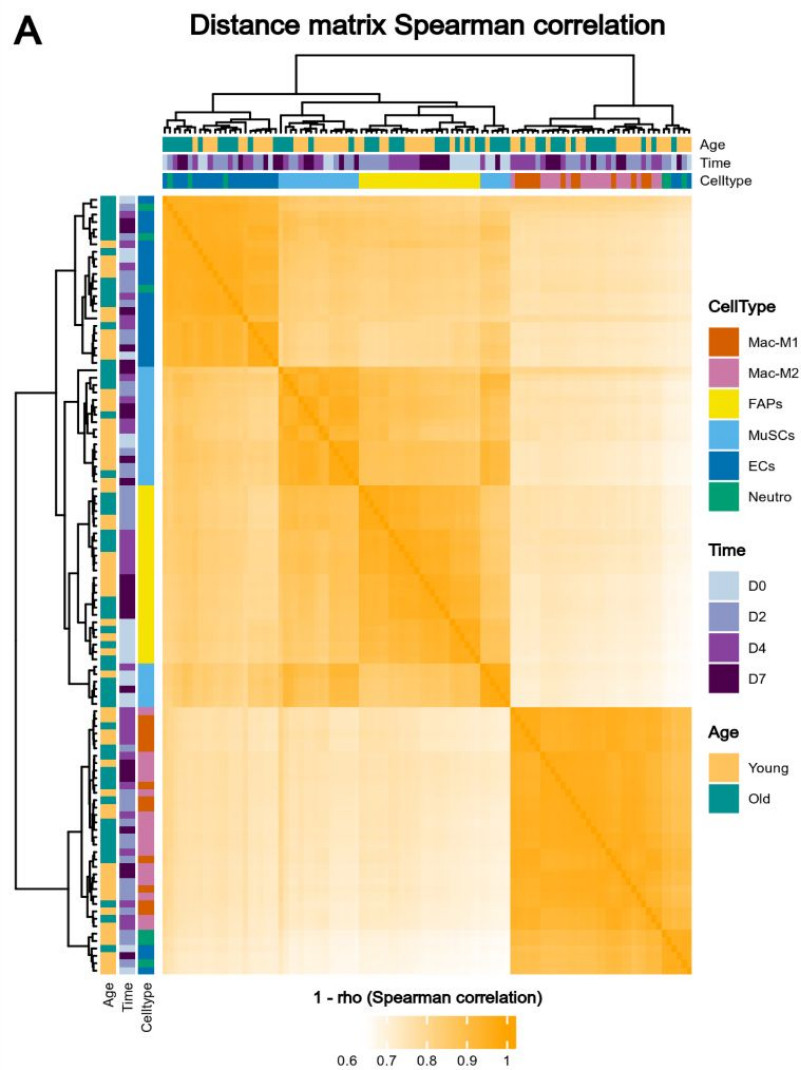


Figure 1-B-C-D

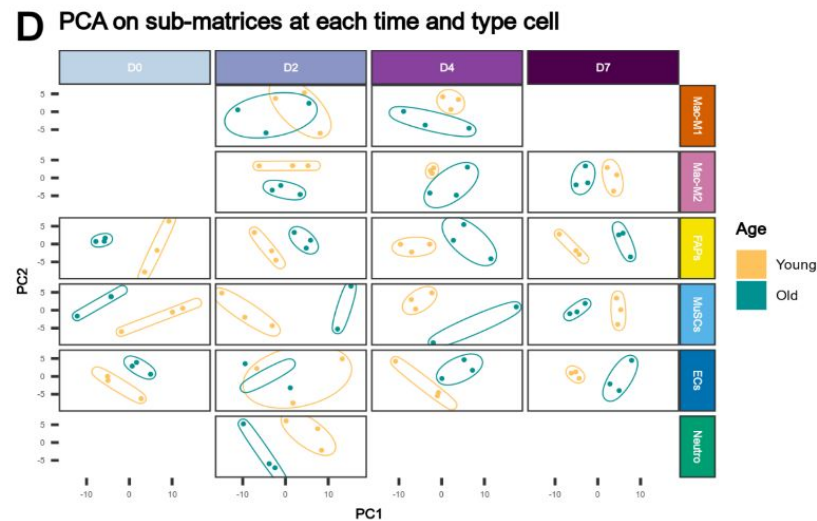
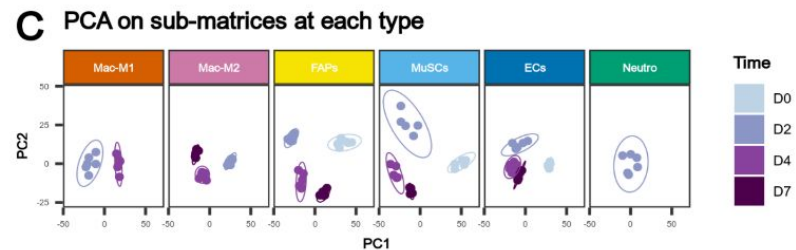
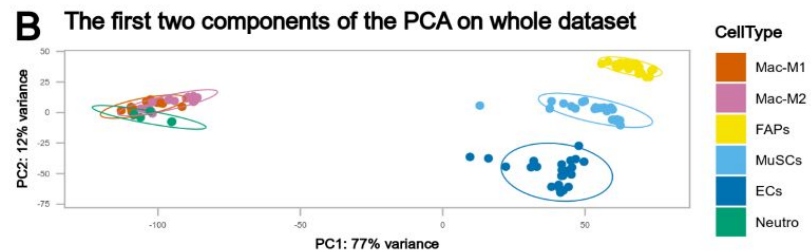


Figure 1-E

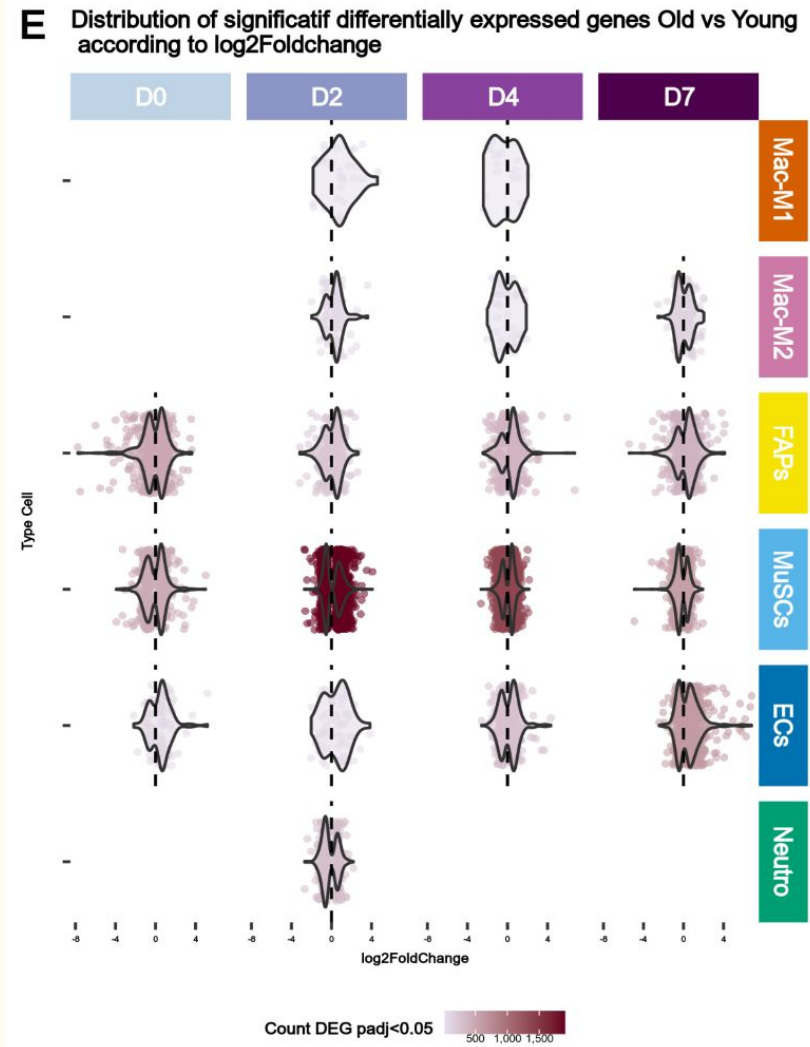
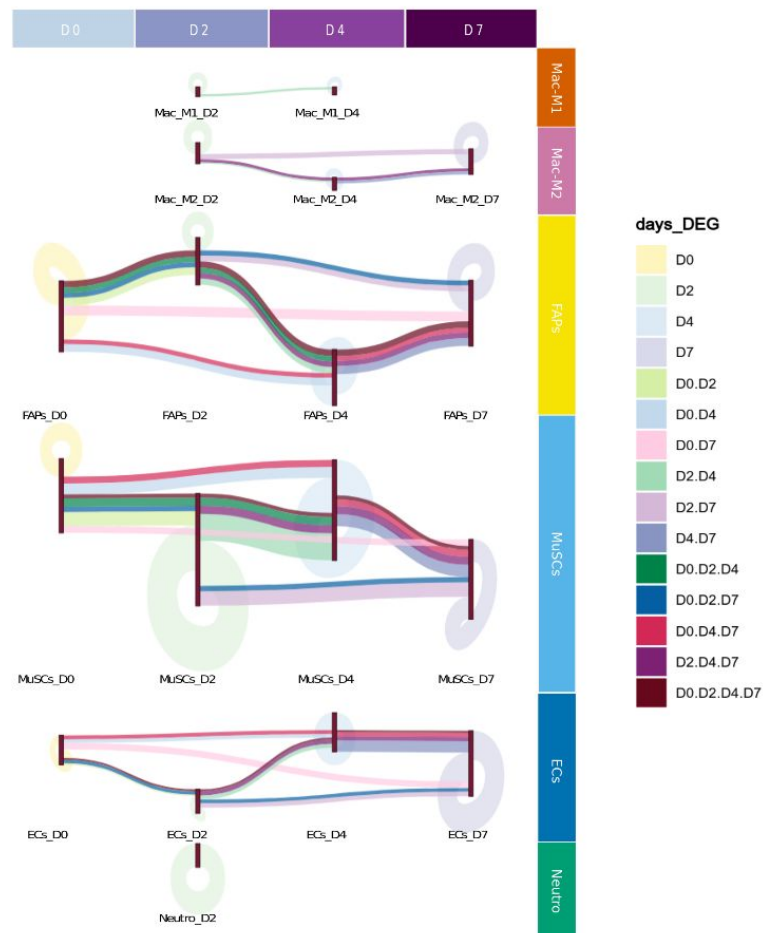


Figure 1-E

F Amount of genes depending on the combination of days on a cell type where they are significantly differentially expressed



Étapes de l'analyse



- Algorithme : fGEA utilisé avec R
- Base de donnée:
 - ◆ Genes Set from Molecular Signatures Database (MSigDB) species *Mus musculus*
 - ◆ category C2 subcategory = Canonical pathways Reactome database
- Réalisée sur un jour données à un type cellulaire choisi
- Sur tous les "gènes"
- Trié par signe du $\log_2\text{FoldChange} * -\log_{10}(\text{padj})$

Figure 2

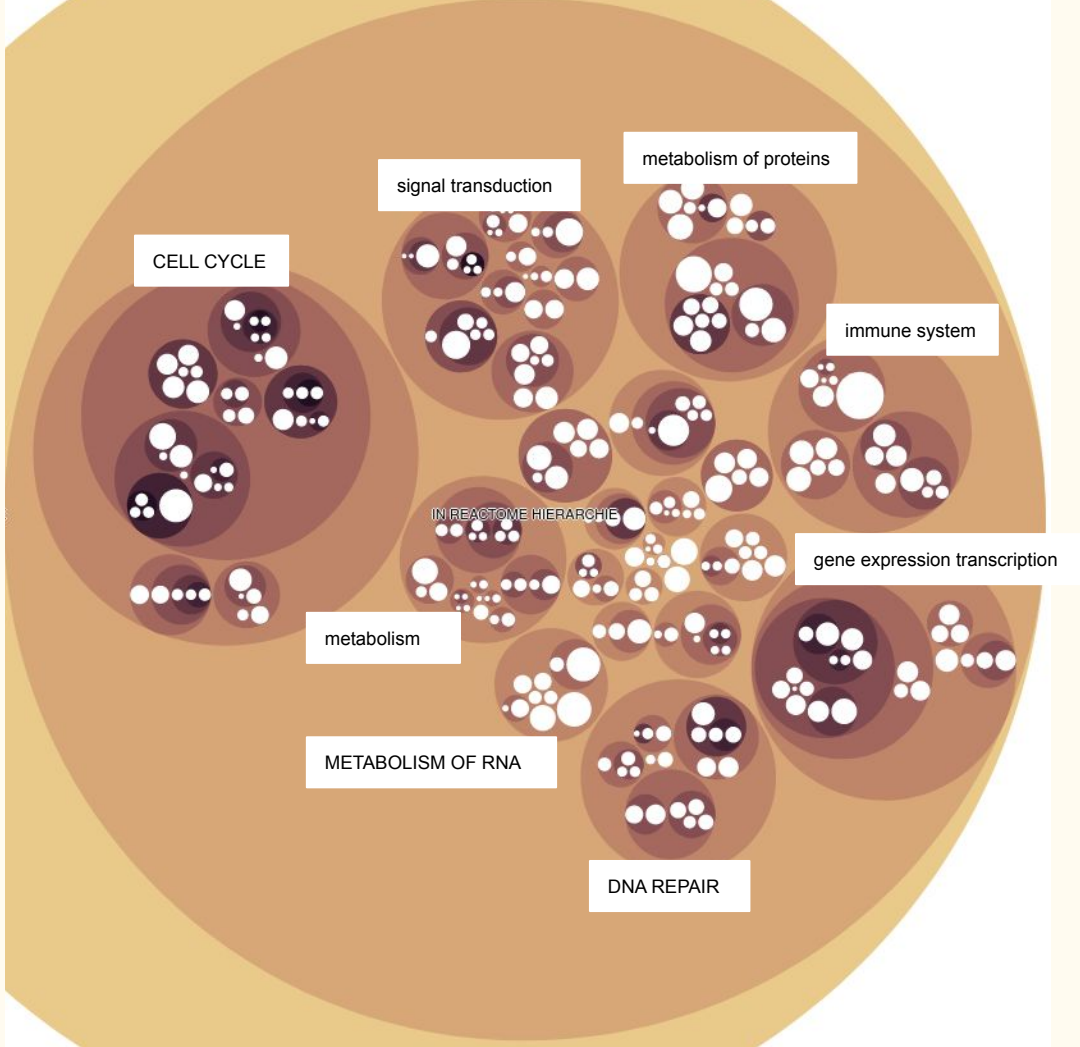


Figure 2

Distribution des pathways significativement différentiellement exprimés Old vs Young, en fonction du log2FoldChange

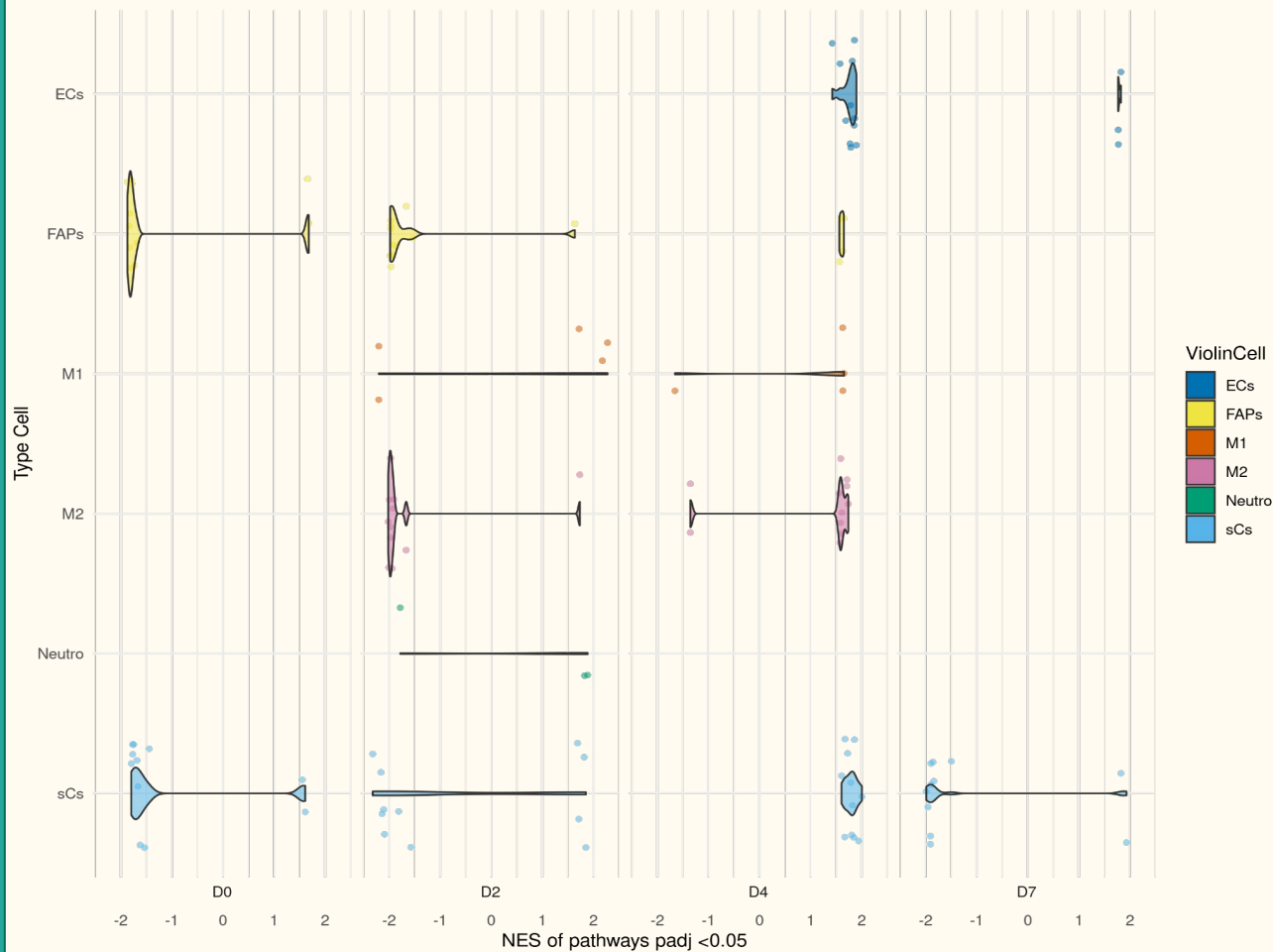
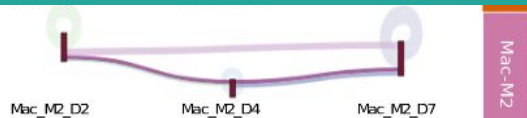
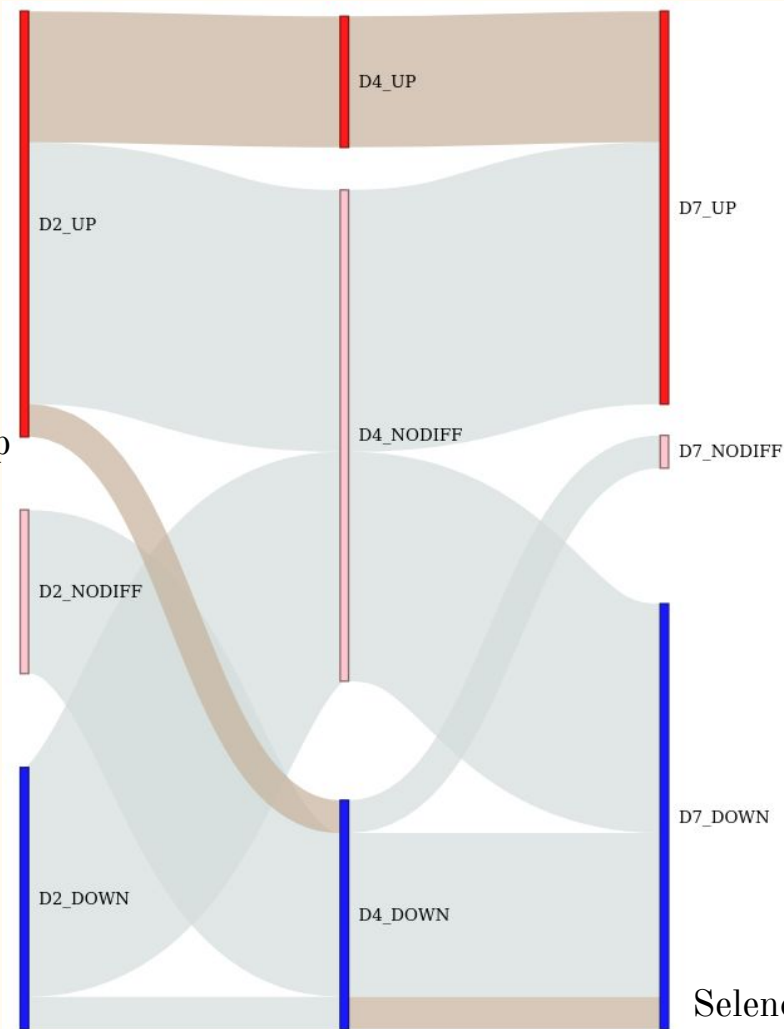


Figure 2



Selenop



Selenop

Figure 2

