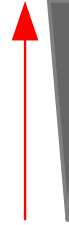


Notre métier

Accompagner nos clients pour **l'analyse de données « omics »** et **l'annotation fonctionnelle** de gènes, de familles de gènes ou de génomes complets à travers des prestations adaptées et des outils innovants. XEGEN s'intègre dans une chaîne d'analyse génétique et apporte une expertise nouvelle d'annotation fonctionnelle robuste basée les **concepts de l'évolution**.

Annotation Fonctionnelle

Relevance et robustesse de la **proximité fonctionnelle**



Histoire évolutive (phylogénie) :

rapprochement par l'intermédiaire de l'histoire évolutive des gènes et leur corrélations

Regroupement (clustering OrthoMCL) :

rapprochement par similitude réciproques multiples

Similitude (blast) : rapprochement par similitude

Positionnement



Le concept

Automatisation complète à haut débit et haute performance des analyses de données et des processus d'annotation sur l'ensemble du vivant. Cela est rendu possible grâce à l'intégration de l'importante expertise métier du laboratoire académique dont est issue XEGEN. La grande plasticité de l'outil informatique TOWER autorise également la mise en place rapide d'applications sur mesure.

L'équipe opérationnelle

Julien Paganini, *Président*

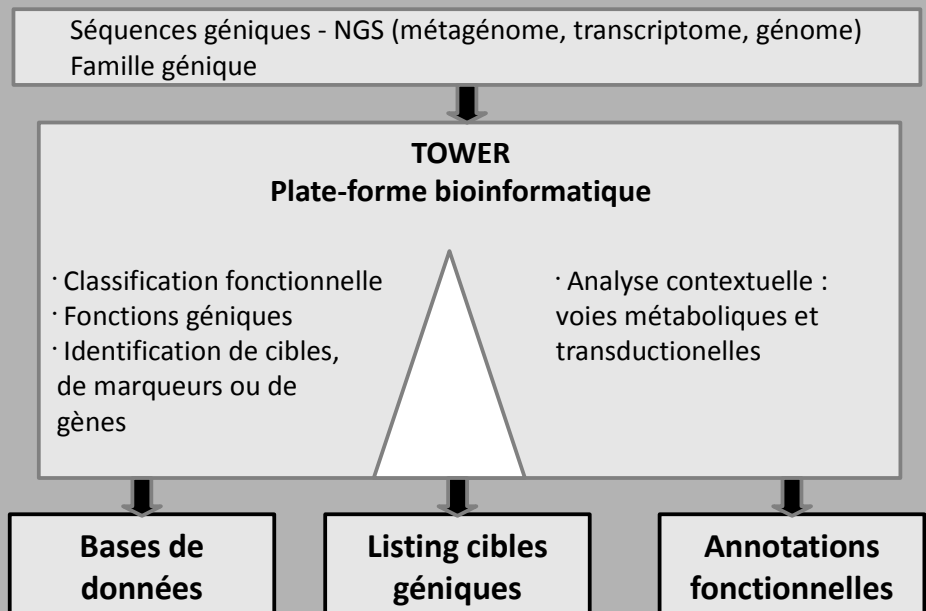
Philippe Gouret, *Directeur informatique*

Pierre Pontarotti, *Expert scientifique*

Demande Agrément CIR en cours

Contact
direction@xegen.fr
06 18 56 14 23

Schématisation de l'approche XEGEN



- Prestation de services

Étude d'un processus biologique

- **Identification** de gènes « cibles »
- « **Priorisation** » des cibles
- Recherche de **marqueurs spécifiques**

&

- **Validation** des cibles
- Analyses des **conséquences fonctionnelles**

- Analyses haut débit de données NGS et transcriptomiques
- Annotation fonctionnelles robustes par utilisation des concepts de l'évolution (phylogénies)
- Utilisation de données fonctionnelles expertisées
- Expertise biologique importante

- **Prestation « High-Throughput »** : annotation fonctionnelle haut débit de génomes, définition du pattern d'analyse et répétition pour analyse de bibliothèque.

- **Prestation de recherches** : accompagnement dans la conception des analyses (formalisation de la question et structuration de la méthode d'analyse), production des analyses, support d'interprétation biologique et génétique des résultats selon l'origine des données input, leur format, les objectifs de l'analyse, le contexte technologique...

La plate-forme TOWER est tout particulièrement caractérisée par les propriétés suivantes :

- Utilisation d'approches basées sur la génomique comparative et notamment les concepts de l'évolution conférant une meilleure qualité et robustesse aux analyses.
- Automatisation complète des processus à haut débit .
- Intégration de l'expertise scientifique grâce à des systèmes experts augmentant la fiabilité.
- Applications à tout organisme vivant et grande interopérabilité avec la possibilité d'alimenter notre logiciel avec de nombreux types de données.

Références

- Annotation de 100 génomes bactériens. Prestation XEGEN pour l'I.H.U. Méditerranée Infection.

Exemple : Non contiguous-finished genome sequence and description of Cellulomonas massiliensis sp. Nov. Lagier, et al, Vol 7, No 2 (2012): Standards in Genomic Sciences

- Recherche de gènes acquis par transfert horizontal. Collaboration équipe EBM et INRA Sophia-Antipolis

Contribution of Lateral Gene Transfers to the Genome Composition and Parasitic Ability of Root-Knot Nematodes. Paganini et al, PLoS one, 2012

- Étude de l'évolution du protéome humain. Collaboration équipe EBM et IGBMC.

The chordate proteome history database», Anthony Levasseur, Julien Paganini, Jacques Dainat, Julie D. Thompson, Olivier Poch, Pierre Pontarotti, Philippe Gouret, Evolutionary Bioinformatics 2012:8 437-447. (<http://ioda.univ-provence.fr>)

Outils

- « FIGENIX: Intelligent automation of genomic annotation: expertise integration in a new software platform », P. Gouret et al, BMC Bioinformatics, 2005 aug 5; 6: 198.

- « Reliable phylogenetic trees building: a new web interface for FIGENIX », J. Paganini, P. Gouret, Evolutionary Bioinformatics 2012:8 417-421.

- « PhyloPattern: regular expressions to identify complex patterns in phylogenetic trees », P. Gouret, J. D. Thompson et P. Pontarotti, BMC Bioinformatics, 2009 Sep 19;10:298..

- « GLADX: An automated approach to analyze the lineage-specific orthologous gene loss and pseudogenization in Metazoans », Dainat J, Paganini J, Pontarotti P, Gouret P PLoS ONE 2012, PLoS ONE 7(6): e38792. doi:10.1371/journal.pone.0038792.

- « Integration of evolutionary biology concepts for functional annotation and automation of complex research in evolution: the multi-agent software system DAGOBAN », Gouret P, Paganini J., Dainat J., Louati D., Darbo E, Pontarotti P., Levasseur A., Springer & Pontarotti Pierre (Ed) 2011



Nos partenaires

