



ANR Génomique

**Lettre d'information
de
SIGENAE**



N°22

du 22 janvier 2008 Rédacteur : CK

Cette lettre d'information est destinée aux membres des équipes de recherche participant aux projets AGENAE (Analyse des GENômes des Animaux d'Elevage) ou ANR GENANIMAL. Elle a pour but de vous informer sur les évolutions de l'équipe SIGENAE, les nouveaux outils, services et formations mis en place.

L'équipe SIGENAE : Composition :

<i>Prénom Nom</i>	<i>Localisation</i>	<i>Tel</i>	<i>Email</i>
Laurence Amilhat	Toulouse	05 61 28 57 08	laurence.amilhat@toulouse.inra.fr
Philippe Bardou	Toulouse	05 61 28 57 09	philippe.bardou@toulouse.inra.fr
Cédric Cabau	Tours	02 47 42 75 42	cedric.cabau@tours.inra.fr
Pierrot Casel	Toulouse	05 61 28 57 09	pierrot.casel@toulouse.inra.fr
Patrice Dehais	Toulouse	05 61 28 57 08	patrice.dehais@toulouse.inra.fr
Christophe Klopp	Toulouse	05 61 28 50 36	christophe.klopp@toulouse.inra.fr
François Moreews	Rennes	02 99 84 75 95	francois.moreews@irisa.fr

1/ Enquête sur les besoins de formations

L'équipe SIGENAE dispose d'une offre de formation comportant actuellement cinq sessions :

F0Xa : Outils pour l'analyse des puces a ADN (2 jours)

Cette formation vous apprend à analyser vos images à l'aide d'AGScan (1/2 journée), à introduire vos données dans BASE et à les filtrer (1 journée), à charger vos données dans TMeV et EASE (1/2 journée). Cette formation est assez modulaire pour pouvoir être adaptée à différents niveaux de public. Il est aussi possible de la focaliser sur les nouveautés 2007 relatives à l'importation de données de façon massive dans BASE.

F0Xb : Outils pour l'extraction d'information sur les séquences et le polymorphisme (1 jour)

L'équipe SIGENAE met à votre disposition une suite logicielle d'accès aux séquences (EST, clone, contig) et au polymorphisme (micro-satellite, SNP). Cette session a pour but de vous former aux applications suivantes :

- SURF : visualisation des séquences, lots, banques,
- R-lcard : Assemblage et annotation (explication des principes),
- Ensembl et BioMart : interrogation et visualisation des contigs et du polymorphisme

F0Xc : Automatiser vos traitements bio-informatiques (1 jour)

Vous avez l'habitude de récupérer des informations en naviguant sur différents site web, vous relancer souvent les mêmes traitements, cette formation est faite pour vous simplifier la vie :

- les concepts : web-services et workflow,
- les outils : taverna et les web-services mis à disposition,
- la pratique : découverte à l'aide d'exemples et d'exercices.

NOUVEAUTE 2008 F0Xd : Assemblage de séquences génomiques avec Phred/Phrap/Consed (1 jour)

L'accès aux ressources de séquençage se démocratise. Vous avez fait séquencer un ou plusieurs BAC d'intérêt et vous voulez les assembler. Cette formation vous permet d'apprendre :

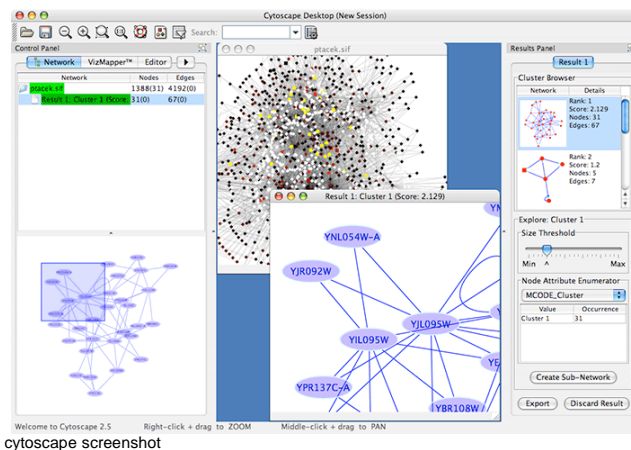
- les concepts : nettoyage séquences, contig, consensus
- les outils : Phred, Phrap et Consed,
- la pratique : réaliser l'assemblage de vos séquences durant la formation.

NOUVEAUTE 2008 / F0Xe : Sensibilisation à Cytoscape (1 jour)

Suite à différentes expériences vous disposez de données hétérogènes concernant un cluster de gènes d'intérêt et vous voudriez pouvoir les visualiser toutes ensemble pour en extraire du sens « biologique ».

Cette journée de sensibilisation vous permet de voir et d'essayer, sur des exemples, ce que fait cytoscape (<http://www.cytoscape.org/>) l'un des logiciels libres les plus performant dans ce domaine. Vous y apprendrez :

- les concepts : graphe, sources de données, « layout », « plug-ins »
- la pratique : découverte à l'aide d'exemples et d'exercices.



Si une ou plusieurs de ces formations vous intéressent envoyez un mail à sigenasupport@jouy.inra.fr en indiquant :

- la référence de la formation (FOXa,...),
- les coordonnées des personnes intéressées,
- si vous seriez prêts à vous déplacer dans un autre centre INRA (et quel centre) pour la suivre.

Si d'autres sujets vous intéressent, vous pouvez envoyer un mail à l'adresse ci-dessus avec vos propositions.

2/ Vidéos d'auto-formation sur BASE :

En parallèle des sessions de formation sur site, l'équipe commence à réaliser des vidéos d'auto-formation aux outils. Ce support est plus agréable que la documentation papier et a pour but de montrer l'utilisation des applications dans des cas particuliers faisant l'objet de questions fréquentes. La première vidéo disponible explique l'utilisation des modules d'importation massive dans BASE. Vous la trouverez en cliquant sur l'onglet « Tutoriels » de la page de garde de BASE (en version production).



3/ Achat et installation de matériel :

L'équipe SIGENAE a acheté en fin d'année dernière un serveur de développement et 6 To d'espace disque. Ces matériels ont été mis en place au mois de décembre 2007. Le transfert des données de nos anciens disques vers les nouveaux, plus rapides, est en cours.

4/ Travaux 2008 sur les projets EADGENE et ANR Delisus :

Pour l'année 2008 l'équipe SIGENAE dispose de deux CDD d'un an sur les projets EADGENE et Delisus.

Dans le cadre d'EADGENE, l'équipe va participer à la réalisation d'une chaîne d'annotation des puces à ADN fournies par le consortium (20K Chicken oligo-array d'ARK genomics et 24K Bovine oligo-array set de BOMC <http://www.bovineoligo.org>) et à la fourniture régulière de fichiers d'annotation de ces supports.

Dans le cadre du projet ANR Delisus, l'équipe SIGENAE va continuer à produire des candidats SNP à partir des séquences privées et publiques, mettre en place un environnement Ensembl de stockage et de visualisation des SNP et des génotypes.

4/ AAP Genomique :

Si vous voulez que l'équipe SIGENAE participe à votre réponse à l'appel à projet ANR « Génomique », pensez à nous en faire part au plutôt pour que nous puissions nous organiser pour vous accompagner au mieux dans l'évaluation des besoins et la rédaction des documents.

Pour toute demande d'information ou de travaux, veuillez envoyer un mail à sigenasupport@jouy.inra.fr en précisant vos nom et coordonnées.