



ANR Genanimal

Lettre d'information de SIGENAE



N°21

du 26 octobre 2007 – 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 :

Prénom Nom	Localisation	Tel	Email
Laurence Amilhat	Toulouse	05 61 28 53 34	laurence.amilhat@toulouse.inra.fr
Philippe Bardou	Toulouse	05 61 28 55 68	philippe.bardou@toulouse.inra.fr
Cédric Cabau	Jouy-en-Josas	01 34 65 28 83	cedric.cabau@jouy.inra.fr
Pierrot Casel	Toulouse	05 61 28 50 64	pierrot.casel@toulouse.inra.fr
Patrice Dehais	Toulouse	05 61 28 55 68	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/ Système de partage d'annotations manuelles des clones

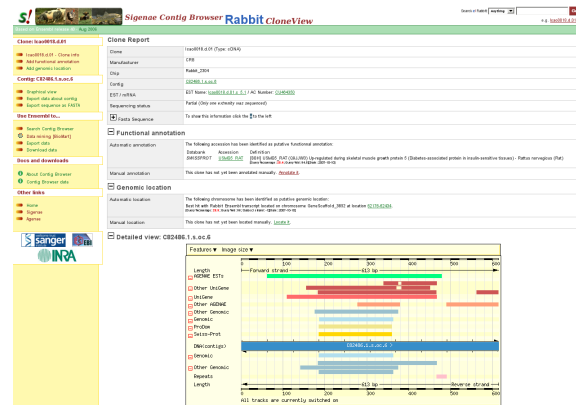
Plusieurs équipes travaillent avec les mêmes puces à ADN et ressentent depuis longtemps le besoin de partager les annotations manuelles qu'elles réalisent sur les clones déposés.

L'équipe SIGENAE a mis en place un environnement qui permet ce partage et l'exploitation des annotations stockées.

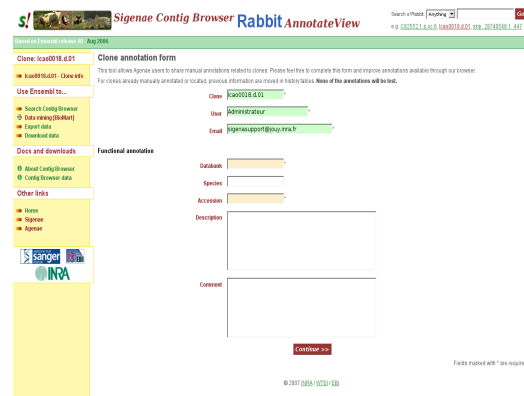
L'outil se compose de trois parties :

- la première vous présente une fiche synthétique comportant les annotations automatiques du contig dans lequel se situe le clone en même temps qu'une vue graphique de la position de celles-ci (cf. capture de droite).
- la seconde vous permet d'ajouter de nouvelles annotations (les anciennes étant historisées).
- la dernière (biomart) vous permet d'interroger ces annotations et d'en extraire des fichiers utilisables pour vos analyses de résultats de puces (cf. capture page suivante).

Vous trouverez un chapitre concernant cet outil dans la nouvelle version de la documentation du contig-browser (menu de gauche, rubrique « Docs and Downloads », suivre le lien « About Contig Browser », page 27 à 30 cloneview et annotateview).



Fiche synthétique.



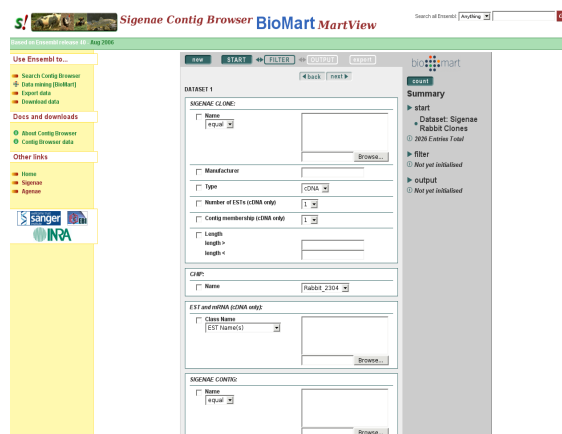
Page d'annotation

Pour le moment, trois supports ont été mis en ligne :

- la membrane générique truie AGENAE
- la membrane générique porc AGENAE
- la membrane lapin

Vous pouvez demander l'ajout d'autres supports cDNA en envoyant un mail à sigenasupport@jouy.inra.fr.

L'équipe SIGENAE prévoit de mettre en place un outil du même type pour les oligo-nucléotides.



clone biomart

2/ Nouveauté dans BASE :

L'équipe SIGENAE travaille à la simplification de l'introduction des données dans BASE. Notre but est de permettre le chargement d'une expérience standard et de sa description en une demie-journée. Les étapes seraient les suivantes :

- introduction des quantifications en lot (**mass data import**) -> module existant,
- introduction des annotations en lot (**mass sample annotation**) -> module existant,
- mises à jour des données en lot (**mass update**) -> nouveau module développé,
- création de données en lot (**mass create**) -> module à venir.

Vous trouverez sur le site le manuel d'utilisation du nouveau module : **mass data update**. Nous comptons organiser des formations sur l'utilisation de ces modules au premier trimestre 2008.

3/ Journées locales des utilisateurs SIGENAE :

Comme les années précédentes, nous vous proposons des rencontres d'échange et de discussion entre les utilisateurs et l'équipe SIGENAE. Durant une matinée, nous vous exposerons les évolutions de l'équipe et des outils mis à disposition et essaierons de laisser le plus possible de place pour les discussions. L'après-midi étant réservée à des échanges en plus petit comité pour les utilisateurs intéressés.

Centre	Date	Lieu	heure
Rennes	27 novembre 2007	Salle de réunion du SCRIBE	10h00
Toulouse	6 décembre 2007	Salle de réunion N° 105 / Services généraux	10h30
Tours	11 décembre 2007	Salle de réunion de l'URA	10h00
Jouy-en-Josas	18 décembre 2007	Salle de réunion de l'unité MIG	10h30

4/ Problème rencontré avec l'assemblage bovin :

Les assemblages SIGENAE exceptés ceux du lapin et du mouton datent du second trimestre 2006. Nous avons lancé depuis quelques mois une nouvelle campagne d'assemblages. Celle-ci a débuté par le traitement des 1,5 millions de séquences bovines. Le nombre de séquences et la redondance des banques de cDNA nous a obligé à transformer notre chaîne d'assemblage. Nous avons ajouté une nouvelle étape de réduction de l'assemblage en recherchant et en éliminant dans un premier temps les ESTs incluses. On appelle EST incluse une EST qui s'aligne à l'intérieur d'une EST de plus grande taille avec une similarité de 75%. Cette étape permet de limiter le nombre de séquences à traiter, sachant que les EST incluses sont réinjectées dans le processus d'assemblage à l'étape suivante et figurent dans les résultats.

L'assemblage bovin public est terminé, l'assemblage bovin privé est en cours et l'annotation de ces contigs sera lancée d'ici quelques jours.

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