



ANR Génomique

**Lettre d'information  
de  
SIGENAE**



N°24

du 18 septembre 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 Génomique. 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>
Jennifer Dupiot	Toulouse	05 61 28 57 08	jennifer.dupiot@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

Départ et arrivée dans l'équipe :

**Laurence Amilhat** a quitté l'équipe SIGENAE le 30 juin 2008.

**Jennifer Dupiot** a rejoint l'équipe le 1<sup>er</sup> septembre 2008, sur le projet ANR Delisus. Elle mettra en place l'environnement de stockage de SNP, structure de populations et génotypages. Elle développera les modules d'extraction nécessaires aux utilisateurs.



**1/ EADGENE : Fichiers d'annotation des puces oligo poulet, bovin et porc :**

Dans le cadre du projet EADGENE, l'équipe SIGENAE a développé une chaîne d'annotation d'oligonucléotides. Cette chaîne de traitement produit deux types de fichiers :

- un fichier (PDF) de description du set d'oligonucléotides donnant des informations générales sur le set : date du design, organisme responsable du design, nombre et longueur des oligo-nucléotides, spécificité des oligo-nucléotides, nombre d'oligonucléotides annotés...
- des fichiers d'annotation (CSV) comportant la position des oligonucléotides sur le génome de référence, l'indice de spécificité de chaque oligonucleotide, les gènes orthologues de l'homme, de la souris et du rat, les annotations de Gene Ontology, les annotations KEGG...

Fichiers sur le site EADGENE :

<http://www.eadgene.info/TheProject/Integration/BiologicalresourcesandfacilitiesWP11/EADGENEOligoSetsAnnotationFiles/tabid/324/Default.aspx>

**EADGENE Oligo Set Annotation Files**

Results of Work from the WorkPackage 1.3 (especially INRA and WUR)

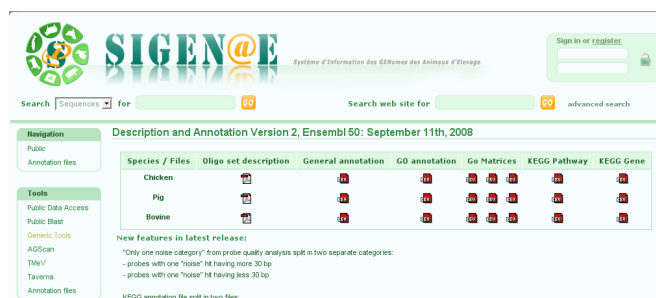
The following table gives access to the EADGENE oligo set annotation files.

Species / Files	Oligo set description	General annotation file	GO annotation file	KEGG annotation file
Chicken	description	general	GO	KEGG
Pig	description	general	GO	KEGG
Bovine	description	general	GO	KEGG

The **description** file is a 2-page long description (pdf format) giving general information about the oligo-set and figures about the annotation results.

The three other files correspond to the annotation results:

Fichiers sur le site SIGENAE :  
<http://www.sigenae.org/index.php?id=128>



Si vous utilisez une autre puce oligo et êtes intéressé par ce type de fichiers, veuillez nous contacter [sigenasupport@jouy.inra.fr](mailto:sigenasupport@jouy.inra.fr) pour que nous définissions ensemble les sorties à vous fournir.

Dans le cadre d'EADGENE, l'équipe organise deux demie-journées autour de l'annotation les 12 et 13 novembre prochains à Lelystad (NL) conjointement avec le "post-genomic data analysis working group" :

- la première demie-journée est consacrée à la présentation et à la comparaison des méthodes d'annotation des sondes,
- la seconde demie-journée est consacrée à cytoscape (<http://www.cytoscape.org/>) et la visualisation des annotations dans cet environnement.

## 2/ Nouvelle version d'AGScan :

Grâce au travail d'Alexis Julin (stagiaire de M1 de l'IUP SI Toulouse), une nouvelle version d'AGScan a été mise à disposition des utilisateurs le 31 juillet dernier : <http://mulcyber.toulouse.inra.fr/gf/project/agscan/>

Cette version apporte son lot de nouvelles fonctionnalités :

- ouverture d'images multi-tiff compressées,
- nouvel algorithme de placement de grille de type "template matching",
- génération automatique de grille à partir d'un fichier .tam ou .gal,
- ajout de noms de sonde à partir d'un fichier .gal,
- nouvelle règle de nommage des fichiers découpés,
- ajout de plusieurs fichiers dans un batch en une seule sélection,
- ré-initialisation de la position des spots d'un bloc de la grille,
- ouverture des fichiers .gel du Phosphoimager.

Elle corrige aussi quelques "bugs". Une note décrivant plus finement les nouveautés est disponible sur le site web.

## 3/ Nouveaux assemblages :

Côté assemblage, l'année 2007 avait été assez calme. L'équipe a profité de la trêve estivale 2008 pour mettre à jour l'ensemble de ses assemblages publics. Elle en a aussi profiter pour modifier certaines banques utilisées pour les annotations par similarité des contigs :

- Prodom est remplacée par Pfam
- trEMBL est remplacée par RefSeq Protein
- ajout de RefSeq RNA

	Nbre de contigs	Nbre de singletons	Contigs avec annotation SwissProt	Contigs avec annotation RefSeq Protein	Contigs avec annotation RefSeq RNA
<b>Cattle</b>	71 321	166 164	108 283	121 287	172 924
<b>Chicken</b>	48 506	185 012	108 390	119 323	159 924
<b>Pig</b>	75 602	153 493	95 238	103 877	161 629
<b>Trout</b>	32 857	61 968	46 685	51 505	41 831
<b>Rabbit</b>	4 257	13 670	10 433	10 605	13 747
<b>Sheep</b>	18 807	35 450	30 476	33 501	44 838

Une nouvelle décrivant les autres nouveautés est disponible sur la page d'accueil du site Sigenae.

Pour toute demande d'information ou de travaux, veuillez envoyer un mail à [sigenasupport@jouy.inra.fr](mailto:sigenasupport@jouy.inra.fr) en précisant vos nom et

coordonnées.