

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 :

<b>Prénom Nom</b>	<b>Localisation</b>	<b>Tel</b>	<b>Email</b>
Jennifer Dupiot	Toulouse	05 61 28 57 08	jennifer.dupiot@toulouse.inra.fr
Gaëlle Rauffet	Toulouse	05 61 28 52 76	gaelle.rauffet@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/ Arrivée dans l'équipe**

Gaëlle Rauffet a rejoint l'équipe le 1<sup>er</sup> septembre 2008, sur le projet européen EADGENE. Elle poursuivra la mise à jour périodique des annotations d'oligo-nucléotides afin de les garder en phase avec les versions d'Ensembl. Elle développera un environnement de stockage des annotations permettant leur extraction à façon par les utilisateurs.



**2/ Enquête sur les besoins de formation**

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

**FOXa : 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 relatives à l'importation de données de façon massive dans BASE.

**FOXb : 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,
- TGICL : Assemblage et annotation (explication des principes),
- Ensembl et BioMart : interrogation et visualisation des contigs et du polymorphisme

**FOXc : Automatiser vos traitements bio-informatiques (1 jour)**

Vous avez l'habitude de récupérer des informations en naviguant sur différents site web, vous relancez 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.

### **FOXd : Assemblage de séquences génomiques avec Phred/Phrap/Consed (1 jour)**

L'accès aux ressources de séquençage se démocratise. Vous avez fait séquençer 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.

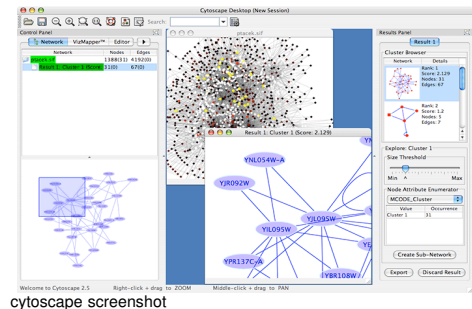
### **FOXe : Sensibilisation à Cytoscape (1 jour)**

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 performants dans ce domaine. Vous y apprendrez :

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



cytoscape screenshot

### **Nouvelle formation FOXf : Apprendre à manipuler des grands fichiers sous UNIX (1 jour)**

Avec l'arrivée des nouvelles technologies de séquençage et de génotypage, vous êtes amené de plus en plus à recevoir des gros fichiers fasta ou tabulés. Qu'il s'agisse de les découper, d'en extraire des lignes ou des colonnes, de les trier et bien d'autres choses, UNIX dispose d'un grand nombre d'outils très rapides et simples d'emploi pour vous.

- les concepts : fichiers, répertoires, ligne de commande
- les outils : cut, paste, sort, grep...
- **la pratique : manipuler des fichiers de différents types pour en extraire de l'information.**

**Si une ou plusieurs de ces formations vous intéressent** envoyez un mail à [sigenasupport@jouy.inra.fr](mailto: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.

### **3/ BASE - Réflexion autour d'une organisation pour l'introduction des données**

Actuellement l'équipe SIGENAE prend en charge la création des supports dans BASE (section "Array LIMS") notamment en collaboration avec Sylvain Marthey du CRB GADIE. De plus, l'équipe a développé et mis à disposition de nombreux outils afin de faciliter l'introduction, la modification ainsi que la publication (GEO) des données.

Conscient du côté long et répétitif de l'introduction de données dans BASE lié à une utilisation périodique, l'équipe réfléchit à une modification de la stratégie actuelle. Nous vous proposons, toujours dans l'objectif d'améliorer la qualité du service, de prendre totalement en charge l'introduction de vos données. Ce changement demandera quelques travaux préalables ayant pour but de spécifier les différentes informations à transmettre (recommandation MIAME, champs requis pour la soumission GEO).

Avant de débuter ces travaux, nous souhaiterions avoir vos retours sur cette proposition.

Pour cela, vous pouvez envoyer un mail à [sigenasupport@jouy.inra.fr](mailto:sigenasupport@jouy.inra.fr) indiquant si vous êtes intéressés par ce nouveau service et combien de supports vous seriez susceptible d'introduire dans BASE en 2009.

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.