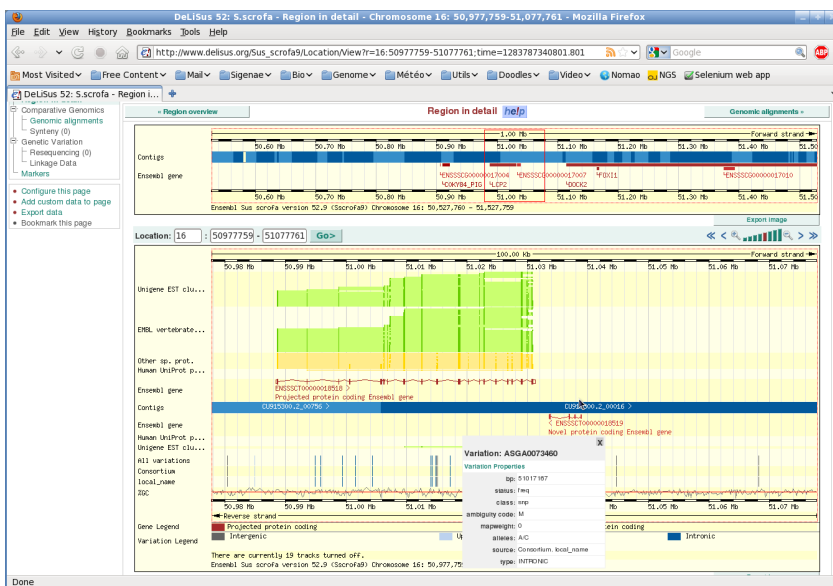


Cette note est destinée aux membres des équipes de recherche utilisateurs des outils et services mis à disposition par la plate-forme SIGENAE. Elle a pour but de vous informer sur les évolutions de l'équipe, les nouveaux outils, services et formations mis en place.

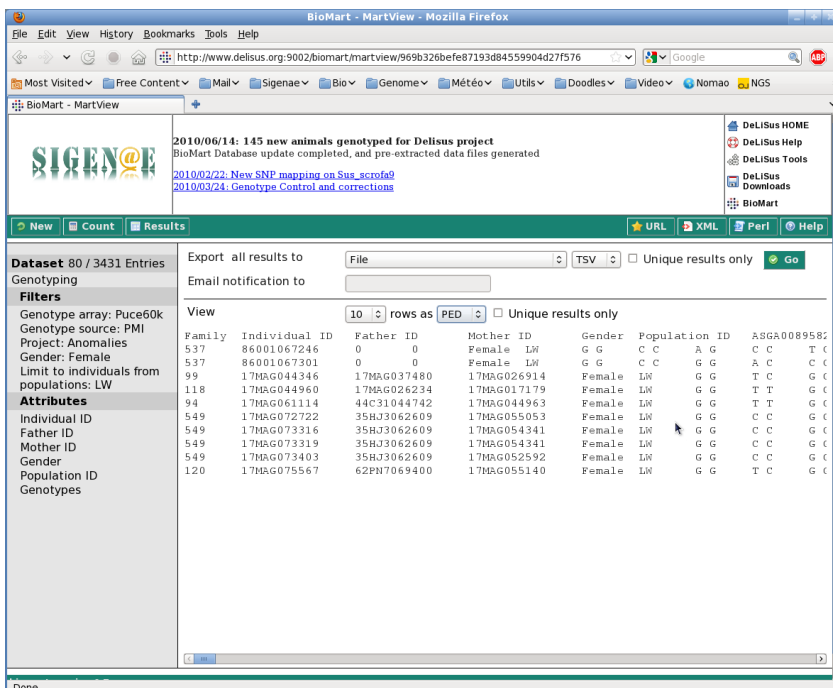
Service de stockage des SNPs et des génotypes :

Dans le cadre de deux projets de génotypage à haut débit, l'équipe SIGENAE a mis en place des serveurs pour stocker et permettre l'interrogation des données produites. Respectivement un serveur Ensembl/BioMart pour **Delisus** gérant les données de type SNP (visualisation sur le génome avec Ensembl), les informations sur les animaux et les génotypes obtenus, et pour **SheepSNPqtI** uniquement un serveur BioMart avec un schéma de données simplifié quant à la description des SNP. Les quatre copies d'écran figurant ci-dessous présentent les différents applications mise en place.



1/ Visualisation des SNPs sur Ensembl.

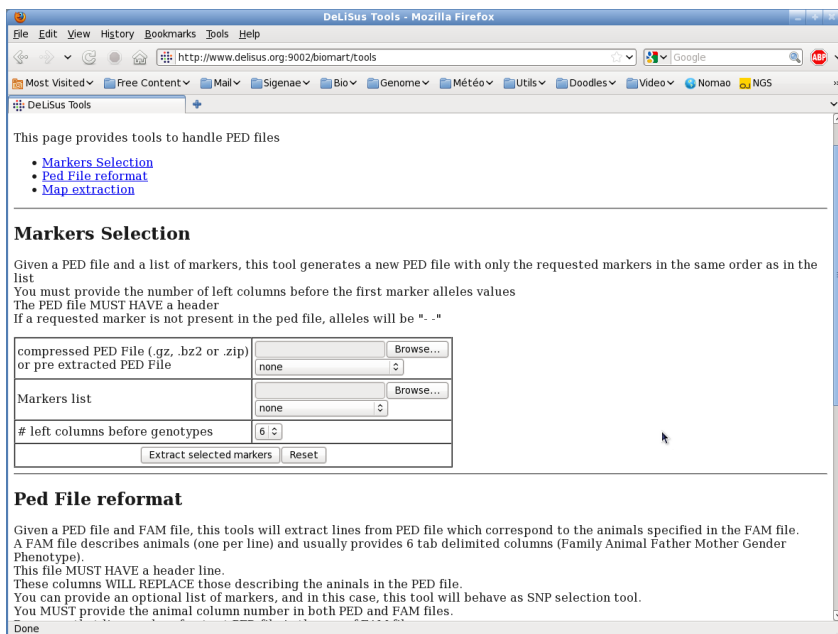
Les SNPs peuvent suivre les cas être stockés dans un environnement privé Ensembl hébergé sur les machines de l'équipe ou plus simplement être présentés sur l'instance d'Ensembl de l'EBI.



2/ interrogation des génotypes par lot.

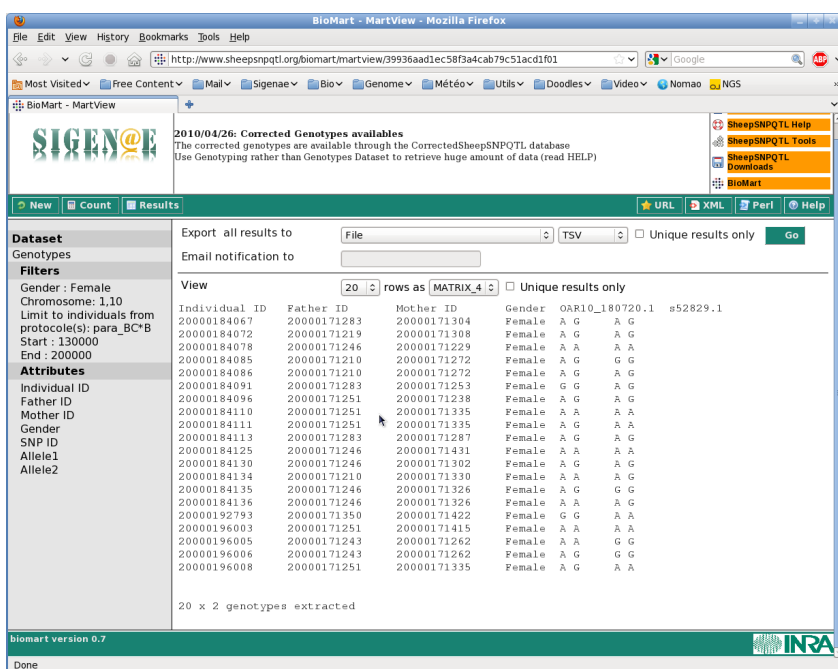
Pour pouvoir traiter des très grands lots de génotypes, l'équipe les stocke en format ligne (une ligne contient l'ensemble des génotypes d'un individu pour une puce).

L'extraction d'un sous-ensemble de génotypes se fait alors par une première extraction des individus puis une seconde extraction des colonnes correspondant aux SNPs recherchés (cf. image suivante).



3/ Sous sélection des génotypes au sein des lots.

Cette interface accepte en entrée le lot de lignes extraites de biomart (page précédente) ainsi qu'un fichier listant des SNPs à extraire et réalise la sélection.



4/ interrogation des génotypes individuels.

Dans le cas de projets avec un faible nombre de SNPs et d'individus, l'équipe met en place une instance de biomart permettant directement de faire des extractions par individu et par SNP.

D'autres instances pour d'autres espèces sont en construction. Si cette application vous intéresse merci de prendre contact avec l'équipe : sigenasupport@jouy.inra.fr.

Formations 2010 suite :

- **Rennes / manipulation de fichiers sous unix**

Deux journées de formation sur la manipulation de fichiers sous unix auront lieu les **14 septembre et 5 octobre** à Rennes (IRISA, salle Noirmoitier).

Cette formation s'adresse à tous ceux qui désirent être plus autonomes pour traiter des fichiers d'annotations, de résultats de puces,... et qui veulent s'affranchir des limites d'outils comme Excel pour sélectionner, ordonner et formater des données. Cette initiation permettra également d'acquérir des bases permettant d'aborder l'utilisation d'outils bio-informatiques en ligne de commandes et des ressources des plate-formes.

- **Toulouse / alignement de séquences et recherche de variations**

Une cinquième session de formation "alignement de séquences issues des NGS et à la recherche de polymorphismes" est organisée à Toulouse le **4 novembre** prochain conjointement avec la plate-forme Bio-info Genotoul.

Vous pouvez vous inscrire en utilisant le lien suivant : <http://bioinfo.genotoul.fr/index.php?id=29>

Contigbrowser / Vennview :

Cette nouvelle fonctionnalité va être disponible sur le Sigenae Contig Browser au fur et à mesure de la mise à jour des assemblages des différentes espèces (browsers public et privé). Cet outil est complémentaire du DddView. Il permet de réaliser automatiquement un diagramme de Venn entre 2, 3, 4 ou 5 conditions définies par l'utilisateur. Chaque condition étant formée d'un ensemble de banques de séquences ou de classes de Gene Ontology.

Après avoir sélectionné 'Venn Diagrams' dans le menu (1), la première étape consiste à choisir les conditions (2) puis à cliquer sur 'continue'.

Une fois le diagramme affiché, il est possible de lister les contigs présents dans chaque catégorie en cliquant sur les effectifs.

Les chiffres entre parenthèse à côté des noms de contigs dans la liste indique le nombre d'ESTs de ce contig satisfaisant les conditions choisies.

Il est aussi possible d'obtenir une copie du diagramme ou des tableaux de répartition des contigs en utilisant les deux liens sous le diagramme.

L'équipe travaille actuellement à l'adaptation du contigbrowser en vue stocker et présenter les séquences de Solexa et envisage, dans l'année à venir, de faire une nouvelle version basée sur une version récente d'Ensembl.

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