



Les activités de la plate-forme bioinformatique à Roscoff

Emmanuelle Morin

24 octobre 2006



Présentation



- * Complémentaire des activités menées sur la plateforme de Rennes
- * Contact plus facile avec les chercheurs de la région de Brest
- * Spécificité : sur le site de la Station Biologique donc contact direct avec les biologistes



Personnel



★ Olivier Collin

Responsable de la plateforme

★ Erwan Corre

Bioanalyste

★ Emmanuelle Morin

Bioinformaticien

★ Gildas Le Corguillé

Bioinformaticien



Les activités



- * Développement d'applications pour la gestion des données
- * Mise à disposition d'outils pour l'analyse des séquences
- * Analyse conjointe de données
- * Formations et cours





Gestion des données



LIMS



- ✧ Laboratory Information Management System
- ✧ Destiné à la gestion : des utilisateurs, des projets, des plaques et des échantillons, des étapes à suivre ...
- ✧ En test ce mois-ci
- ✧ Envisage possibilité de le transférer sur le plateau de Nantes



LIMS : page d'accueil



Projet

Annuaire

Consommable

Machine

Options

Rechercher



Gildas

Vous êtes ici : Projet > Etapes

GildasL[1-6]&MickeyM[7-12] (96/96)

Miniprep



Purification PCR



Reorganisation



GildasL[1-12]_projet1 (96/96)
GildasL[1-24]_projet1 (384/384)
CatherineB[1-12]_Copy[0] (96/96)
CatherineB[1-12]_Copy[1] (96/96)
CatherineB[1-12]_Copy[2] (96/96)
MorganP[1-6]_SepIdent (48/96)

CatherineB[1-6]_Sep (48/96)

Réaction de séquence



Reorganisation



Purification de dye



Reorganisation



DelphineM[1-6]_Seq500 (48/96)

Séquençage



Reorganisation



LIMS : nouveau projet



Titre	Mon nouveau projet									
Description	Je vais séquencer des ESTs									
Nom de l'institut	SBR									
Nom de l'unité / équipe	+ FR2424-SIG									
Responsable statuaire du projet	Morin Emmanuelle									
Nom des intervenants	Liste des intervenants <input type="button" value="Ajouter"/> <input type="button" value="Tous"/> <table border="1"><thead><tr><th>Nom</th><th>Prénom</th><th></th></tr></thead><tbody><tr><td>Le Corguillé</td><td>Gildas</td><td>✗</td></tr><tr><td>Morin</td><td>Emmanuelle</td><td>✗</td></tr></tbody></table>	Nom	Prénom		Le Corguillé	Gildas	✗	Morin	Emmanuelle	✗
Nom	Prénom									
Le Corguillé	Gildas	✗								
Morin	Emmanuelle	✗								
Nombre de séquences prévues (si connu)										
Durée du projet prévu [mois] (si connu)										
Commentaire										



LIMS : suivi des échantillons



Vous êtes ici : [Projet](#) > [Plaque](#) > Visualisation

GildasL[1-12]_projet1 (96/96)

Echantillons de la plaque : provenance, emplacement, suivi

Projet	Sous_projet	Echantillon	Position	Etape déjà effectuée	Etape à effectuer
Autre projet 2	GildasL[1-12]_projet1	Echantillons	A01-H12	Miniprep	Réaction de séquence Amorces1 (50) [01-12] Purification de dye Séquençage analysis_protocol = 80cm-std-3.03.05 [01-12] instrument_protocol = LongSeq80_POP7_Z [01-12] longueur = Court [01-12] priorite = 100 [01-12]

Gestion de la plaque

Réorganisation

Création d'une Matrice

Commentaire sur la plaque

1 - 2 / 2 2 lignes

Date	Date corrigée	Auteur	Occasion	Commentaire
2006-10-16 13:03	2006-10-16 13:03	as	Miniprep	[auto] Passage
2006-09-28 14:16	2006-09-28 14:16	as	Sous_projet	[auto] Création

Commentaire	<input type="text"/>	<input type="button" value="Envoyer"/>
--------------------	----------------------	--



TITUS

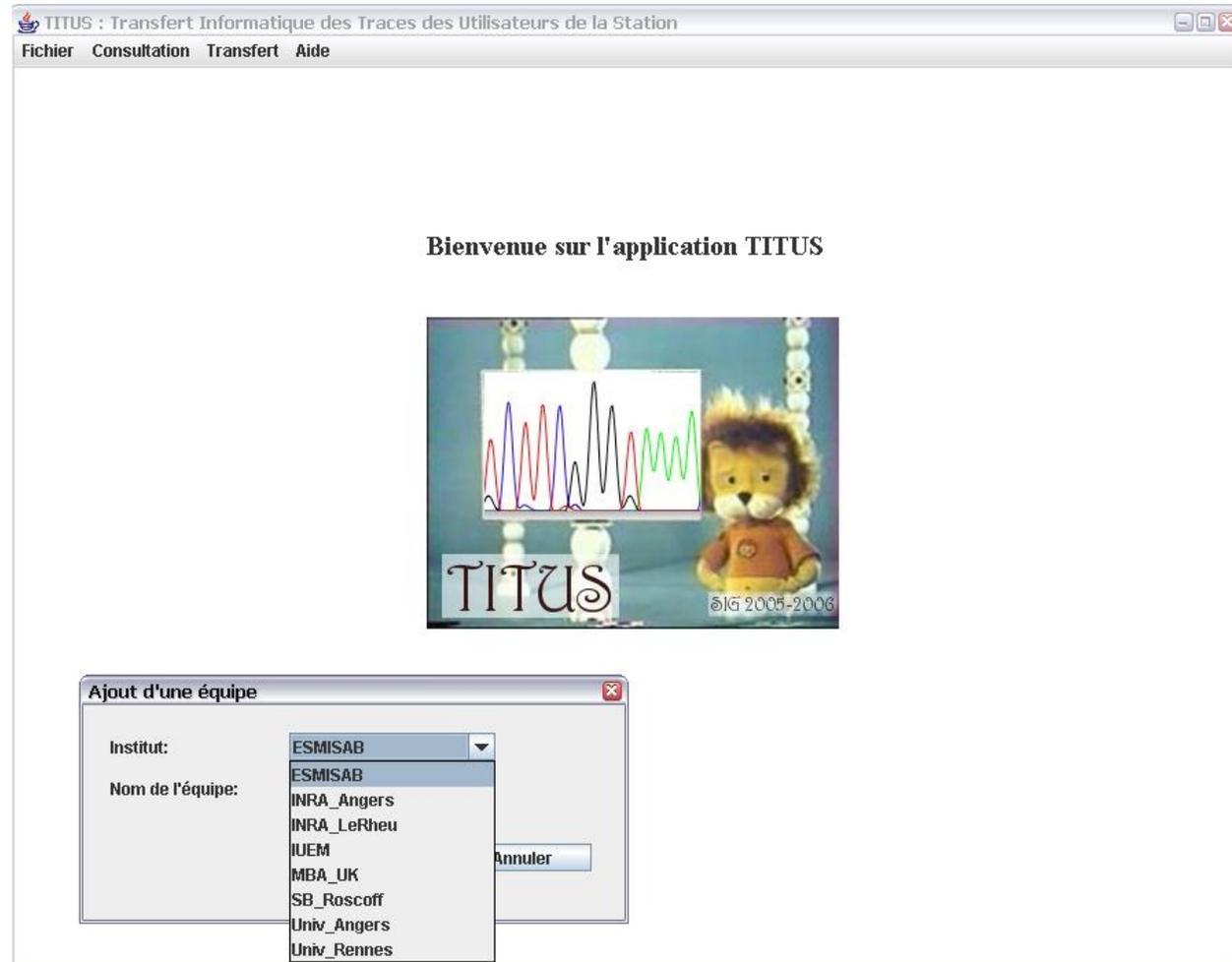


Transfert
Informatiques
des Traces des
Utilisateurs de
la Station

Gestion de
fichiers

Archivage

Envoi de mail
automatisé





Mise à disposition d'outils



MANATEE



Annotation Tools

The ann_tools.cgi script generates the Annotator Tools webpage, which is the entry point for accessing the Submit webpage for all ORFs in a genome, as well a resource f

[Home](#)[Annotation Tools](#)[Genome Summary](#)[Gene Assignment Help](#)

ACCESS GENE LISTS

▶ **molecule:** 7974 - chromosome ▼

all genes, ordered by role category (excludes hypothetical proteins)

main role category Amino acid biosynthesis

single role category role_id

ACCESS GENE CURATION PAGE

▶ **gene:**

ACCESS GENES BY COORDINATE RANGE

▶ **end5:** **end3:**

CUSTOM QUERY

OTHER TOOLS

- ▶ [Data Consistency Checks](#)
- ▶ [Frameshift Reports](#)
- ▶ [Hypothetical Protein List](#)
- ▶ [Annotation Status](#)
- ▶ [PubMed Organism Search](#)

ORF00800 *Shewanella oneidensis* MR-1

GENE CURATION INFORMATION

ORF00800 (SO1361)

▶ [View BER Searches](#)
asmb1_id: 7974

▶ [Reload Page](#)

end5/end3: 1415682 / 1416773

gene length: 1092

protein length: 363

molecular wt: 39874.26

database: gsp

feat_name / locus:

Select Function ▼

GENE IDENTIFICATION

[submit](#) | [history](#) |

gene name:

phospho-2-dehydro-3-deoxyheptonate aldolase, tyr-sensitive

gene_sym:

aroF

EC number(s):

4.1.2.15

private comment:

Start confidence High

▶ [nt_comment](#)

EC GO suggestions:

▶ No EC GO suggestions to display.

public comment:

▶ [auto_comment](#)

Autour des séquences



* Nettoyage de séquences

* Phred, seqclean, ...

* Analyse des séquences

* Hmmer, clustalW, blast contre génomes marins, package emboss, ...





Analyse conjointe des données



Projet en cours



- * Identification de gènes impliqués dans le contrôle de la traduction chez l'Oursin.
- * Intérêt plus particulier pour les protéines contenant le site de liaison à eIF4E



Interactions de eIF4E



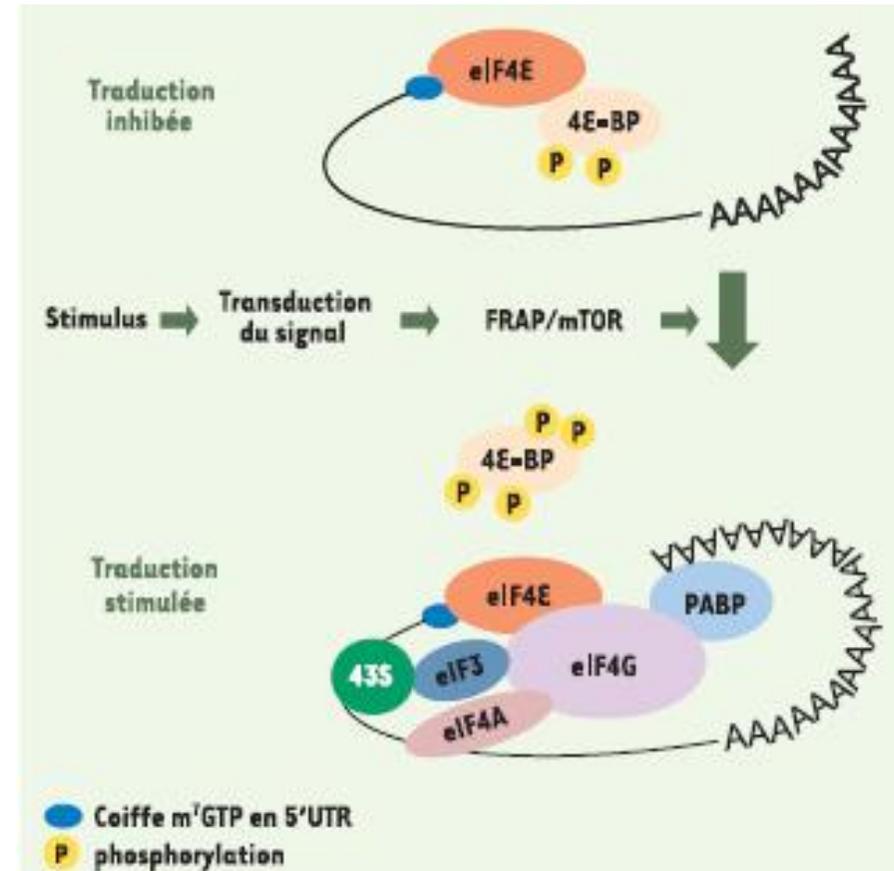
Stimulus = fécondation



Phosphorylation de 4E-BP
eIF4E disponible



Liaison eIF4E - eIF4G
Traduction activée



Données à disposition



* Motif MADER :

[KR]-x(2)-Y-x(4)-L-[MLIVFWY]

* Protéines prédites de l'oursin

* Annotations en cours chez l'oursin

* Annotations Pfam

* Annotations GO





Protocole utilisé



Protéines prédites



Recherche du motif Mader

Protéines candidates



Pfam

Test biologique
d'interaction physique



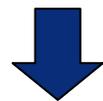
Partenaires
?



Caractérisation des protéines

BLAST

Partenaires potentiels



Clusterisation des protéines

Pfam

Groupes de
partenaires potentiels

Translational control genes in the sea urchin genome

Julia Morales, Odile Mulner-Lorillon,
Bertrand Cosson, Emmanuelle Morin,
Robert Bellé, Cynthia A. Bradham,
Wendy S. Beane and Patrick Cormier
Developmental Biology – in Press



Résultats et perspectives



- * 970 protéines candidates sont réunies en 350 groupes en fonction des motifs pfam contenus
 - ➔ ~120 homologues humains avec motif conservation au cours de l'évolution du motif
 - ➔ partenaires de eIF4E connus
 - ➔ nombreuses protéines kinases régulation de la traduction en réponse à des variations physiologiques

- * Perspectives : regroupement des protéines en fonction de leur localisation cellulaire (GO) puis de leur processus biologique





Formations et cours



Formations et cours



- ★ Utilisation SPIP pour le site web de la plateforme séquençage / génotypage
- ★ Utilisation de Linux

- ★ Cours pour le Master2
Biotechnologies de Brest :
introduction à la bioinformatique,
phylogénie, découverte de motifs ...

