

Des nouvelles de la plate-forme

Anthony Assi
Emmanuelle Morin
Grégory Ranchy
Anne-Sophie Valin



Plan

- Le personnel de la plate-forme
- La future version du site Web
- Les nouveaux outils
 - InclusionTool (Plate-forme découverte de motifs)
 - WAPAM (Plate-forme recherche de motifs)
- L'arrivée de nouvelles machines

Plan

- **Le personnel de la plate-forme**
- La future version du site Web
- Les nouveaux outils
 - InclusionTool (Plate-forme découverte de motifs)
 - WAPAM (Plate-forme recherche de motifs)
- L'arrivée de nouvelles machines

www.genouest.org

Esther Juin 2005



www.genouest.org

Emmanuelle Novembre 2005



www.genouest.org

Grégory Août 2005



www.genouest.org

Anthony octobre 2005



Plan

- Le personnel de la plate-forme
- **La future version du site Web**
- Les nouveaux outils
 - InclusionTool (Plate-forme découverte de motifs)
 - WAPAM (Plate-forme recherche de motifs)
- L'arrivée de nouvelles machines



Bienvenue sur la plateforme bio-informatique GenQuest

Bienvenue sur le serveur de calcul de la plateforme bio-informatique de OUEST-genopole®

Ces pages vous permettront d'accéder rapidement à nos outils bio-informatiques, aux banques publiques mises à jour quotidiennement, aux séminaires organisés, aux formations, ...

Pour un accès direct aux outils de la plateforme, utilisez l'onglet "Outils".

La boîte de recherche (en haut à droite) vous permettra de trouver ou retrouver des documents, des outils, ...

Evènements de la plateforme

3ème Rencontres autour de la plateforme Bio-informatique

Les conférences auront lieu le 18 octobre 2005 à l'IRISA salle "Michel Méhvier" Campus Beaulieu Rennes. Retrouvez le programme de cette journée en cliquant.

[En savoir plus...](#)

2èmes Rencontres autour de la plateforme bioinformatique

Retrouvez tous les exposés de cette journée en cliquant.

[En savoir plus...](#)

Journées de bilan de la bioinformatique des genopoles

Exposé de la plateforme bioinformatique OUEST-genopole®

[En savoir plus...](#)

1ères Rencontres autour de la plateforme bioinformatique

Retrouvez tous les exposés de ces 2 jours.

[En savoir plus...](#)



Actualité de la plateforme

10 octobre 2005 : Programme des troisièmes rencontres autour de la plateforme Bio-informatique

Les conférences auront lieu le 18 octobre 2005 à l'IRISA salle "Michel Méhvier" Campus Beaulieu Rennes. Programme de la 3ème journée de rencontres :

[Lire la suite](#)

18 juillet 2005 : Conférence

JOBIM 2005 6,7 et 8 juillet 2005 Amphithéâtre Charles Mérieux Campus de Lyon-Gerland

[Lire la suite](#)

13 juin 2005 : Conférence

"BioConductor Project: Analyzing Genomic Data Using Categories" Robert Gentleman

[Lire la suite](#)

2 juin 2005 : Lettre d'info

La lettre d'Information Prospective N° 5 de OUEST-genopole® vient de paraître.

[Lire la suite](#)

mai 2005 : Banques

Nouvelles versions : Gen Bank 147.0, Swissprot 47.1, Refbase 505

[Lire la suite](#)

www.genouest.org


Accueil
FAQ
Plan
Contacts
English
Imprimer

genouest
QUEST

PLATEFORME BIOINFORMATIQUE GENOUEST

Rechercher | Accueil | FAQ | Plan | Contacts | English | Imprimer

La plateforme | Outils | Banques | Séminaires | Formations

Bienvenue sur la plateforme bio-informatique GenOuest

Bienvenue sur le serveur de calcul de la plateforme bio-informatique de OUEST-genopole®

Ces pages vous permettront d'accéder rapidement à nos outils bio-informatiques, aux banques publiques mises à jour quotidiennement, aux séminaires organisés, aux formations, ...

Pour un accès direct aux outils de la plateforme, utilisez l'onglet "Outils".

La boîte de recherche (en haut à droite) vous permettra de trouver ou retrouver des documents, des outils, ...

Evénements de la plateforme

3ème Rencontres autour de la plateforme Bio-informatique

Les conférences auront lieu le 18 octobre 2005 à l'IRISA salle "Michel Mitkiewicz" Campus Beaulieu Rennes. Retrouvez le programme de cette journée en cliquant ici.

[En savoir plus...](#)

2èmes Rencontres autour de la plateforme bioinformatique

Retrouvez tous les exposés de cette journée en cliquant ici.

[En savoir plus...](#)

Journées de bilan de la bioinformatique des genopoles

Exposé de la plateforme bioinformatique OUEST-genopole®

[En savoir plus...](#)

1ères Rencontres autour de la plateforme bioinformatique

Retrouvez tous les exposés de ces 2 jours.

[En savoir plus...](#)

Actualité de la plateforme

10 octobre 2005 : Programme des troisième rencontres autour de la plateforme Bio-informatique

Les conférences auront lieu le 18 octobre 2005 à l'IRISA salle "Michel Mitkiewicz" Campus Beaulieu Rennes. Programme de la 3ème journée de rencontres :

[Lire la suite](#)

18 juillet 2005 : Conférence

JOBIM 2005 6,7 et 8 juillet 2005 Amphithéâtre Charles Mirieux Campus de Lyon Gerland

[Lire la suite](#)

13 juin 2005 : Conférence

"BioConductor Project: Analyzing Genomic Data Using Categories" Robert Gentleman

[Lire la suite](#)

2 juin 2005 : Lettre d'info

La lettre d'information Prospective N° 5 de OUEST-genopole® vient de paraître.

[Lire la suite](#)

mai 2005 : Banques

Nouvelles versions : GenBank 147.0, Swissprot 47.1, Refseq 505

[Lire la suite](#)

Scitise | IRISA | INRIA | Région BRETAGNE

Copyright © 2005 OUEST-genopole®. Mentions Légales

www.genouest.org

La plateforme

Outils

Banques

Séminaires

Formations

PLATEFORME BIOINFORMATIQUE GENOUEST

Rechercher [] Accueil FAQ Plan Contacts English Imprimer

La plateforme Outils Banques Séminaires Formations

Bienvenue sur la plateforme bio-informatique GenOuest

Bienvenue sur le serveur de calcul de la plateforme bio-informatique de OUEST-genopole®

Ces pages vous permettront d'accéder rapidement à nos outils bio-informatiques, aux banques publiques mises à jour quotidiennement, aux séminaires organisés, aux formations, ...

Pour un accès direct aux outils de la plateforme, utilisez l'onglet "Outils".

La boîte de recherche (en haut à droite) vous permettra de trouver ou retrouver des documents, des outils, ...

Evènements de la plateforme

3ème Rencontres autour de la plateforme Bio-informatique
Les conférences auront lieu le 18 octobre 2005 à l'IRISA salle "Michel Miklavic" Campus Beaulieu Rennes. Retrouvez le programme de cette journée en cliquant.
[En savoir plus...](#)

2èmes Rencontres autour de la plateforme bioinformatique
Retrouvez tous les exposés de cette journée en cliquant.
[En savoir plus...](#)

Journées de bilan de la bioinformatique des genopoles
Exposé de la plateforme bioinformatique OUEST-genopole®
[En savoir plus...](#)

1ères Rencontres autour de la plateforme bioinformatique
Retrouvez tous les exposés de ces 2 jours.
[En savoir plus...](#)

Actualité de la plateforme

10 octobre 2005 : Programme des troisième rencontres autour de la plateforme Bio-informatique
Les conférences auront lieu le 18 octobre 2005 à l'IRISA salle "Michel Miklavic" Campus Beaulieu Rennes. Programme de la 3ème journée de rencontres :
[Lire la suite](#)

18 juillet 2005 : Conférence
JOBIM 2005 6,7 et 8 juillet 2005 Amphithéâtre Charles Mirieux Campus de Lyon Gerland
[Lire la suite](#)

13 juin 2005 : Conférence
"BioConductor Project: Analyzing Genomic Data Using Categories" Robert Gentleman
[Lire la suite](#)

2 juin 2005 : Lettre d'info
La lettre d'information Prospective N° 5 de OUEST-genopole® vient de paraître.
[Lire la suite](#)

mai 2005 : Banques
Nouvelles versions : GenBank 147.0, Swissprot 47.1, Refseq 505
[Lire la suite](#)

Copyright © 2005 OUEST-genopole®. Mentions Légales

Sont contenu dans cette page, des outils développés par la plateforme bioinformatique de OUEST-genopole® ainsi que des liens vers d'autres outils complémentaires.

Vous êtes ici : Accueil > Outils

Outils d'Analyse de Séquences

- ☒ **Recherche de similarités**
 - ☐ Alignements de séquences
 - ☐ Contig, assemblage d'ESTs
 - ☐ Clustering
 - ☐ Découverte de motifs
 - ☐ Recherche de motifs
 - ☐ Identification de gènes
 - ☐ Traduction : ADN -> Protéine
 - ☐ Identification de protéines
 - ☐ Phylogénie
 - ☐ Protéine : structure tertiaire
 - ☐ Wisconsin Package
 - ☐ Génération d'amorces
 - ☐ Recherche d'orthologues
 - ☐ Ressources d'étude de l'expression des gènes
 - ☐ Ontologies et connaissances
 - ☐ Protéine : structure secondaire

Recherche de similarités

Outils OUEST-genopole®

[blastn] : ADN - ADN

- ☒ contre les banques publiques
- ☐ contre une banque personnelle

[blastp] : protéine - protéine

- ☒ contre les banques publiques
- ☐ contre une banque personnelle

BLAST après traduction

- ☒ [blastx] : query nucléique - bd protéique
- ☐ [tblastn] : query protéique - bd nucléique

BLAST contre génomes complets

- ☒ BLAST contre génomes complets

BLAST contre EST (Unigene)

- ☒ BLAST contre EST (Unigene)

☒ Accéder aux outils externes

Outils d'Analyse de Séquences



- ✧ **Recherche de similarités**
- ✧ Alignements de séquences
- ✧ Contig, assemblage d'ESTs
- ✧ Clustering
- ✧ Découverte de motifs
- ✧ Recherche de motifs
- ✧ Identification de gènes
- ✧ Traduction : ADN -> Protéine
- ✧ Identification de protéines
- ✧ Phylogénie
- ✧ Protéine : structure tertiaire
- ✧ Wisconsin Package
- ✧ Génération d'amorces
- ✧ Recherche d'orthologues
- ✧ Ressources d'étude de l'expression des gènes
- ✧ Ontologies et connaissances
- ✧ Protéine : structure secondaire

Outils OUEST-genopole®

[blastn] : ADN - ADN

- ☐ contre les banques publiques
- ☐ contre une banque personnelle

[blastp] : protéine - protéine

- ☐ contre les banques publiques
- ☐ contre une banque personnelle

BLAST après traduction

- ☐ [blastx] : query nucléique - bd protéique
- ☐ [tblastn] : query protéique - bd nucléique

BLAST contre génomes complets

- ☐ BLAST contre génomes complets

BLAST contre EST (Unigene)

- ☐ BLAST contre EST (Unigene)

 [Accéder aux outils externes](#)

BLAST contre génomes complets

- ☒ [BLAST contre génomes complets](#)

BLAST contre EST (Unigene)

- ☒ [BLAST contre EST \(Unigene\)](#)

▸ [Replier les outils externes](#)

Entre deux séquences

- ☒ [Blast 2 sequences](#)

Comparaison de deux séquences données. Alignements locaux sans gaps entre deux séquences nucléiques ou protéiques.

- ☒ [Dotlet](#)

- ☒ [LAlign](#)

- ☒ [PipMaker](#)

Recherche de similarités entre deux séquences nucléiques.

Séquence contre une banque

- ☒ [BEAUTY : Blast Enhanced Alignment Utility](#)

- ☒ [Blast au NCBI](#)


- ☒ [FDF](#)

Il recherche de similarités entre des séquences et une banque protéique ou nucléique.

- ☒ [ParAlign](#)

- ☒ [WU-Blast2](#)

Logiciel très puissant pour l'identification de gènes et de protéines, qui utilise des recherches de similarités sensibles, sélectives et rapides dans les banques de séquences nucléiques et protéiques.



**PLATEFORME
BIOINFORMATIQUE
GENOUEST**

Rechercher


[Accueil](#) [FAQ](#) [Plan](#) [Contacts](#) [English](#) [Imprimer](#)

[La plateforme](#) [Outils](#) [Banques](#) [Séminaires](#) [Formations](#)


Sont décrites dans cette page toutes les banques de séquences disponibles sur notre serveur ainsi que les outils qui y sont liés.
Sont également présentées les bases de données spécialisées réalisées par nos ingénieurs.

Vous êtes ici : [Accueil](#) > [Banques](#)


Banques

 **Banques publiques**

☐ Banques nucléiques
☐ Banques protéiques
☐ Banques de motifs protéiques
☐ Banques d'enzymes


 **Génomes complets**

☐ Génomes eucaryotes
☐ Génomes bactériens
☐ Génomes archae

 **TRANSFAC®**

☐ Demande d'accès TRANSFAC®
☐ Accès

Banques nucléiques

 **Banques nucléiques**

Nom	Version
Genbank	149.0 (08/05)
Embl	84.0 (10/05)
LocusLink	- (04/05)
IMGT	200541-6 (10/05)
IMGT HLA	2.9 (04/05)
Golden Human	version 17, build 35 du NCBI (11/04)
Golden Mouse	version 5, build 33 du NCBI (11/04)
Flybase	7.02 (10/02)
Unigene	182 (04/05)

Bases de données spécialisées

Ces bases sont en accès restreint.
Pour les consulter, nom d'utilisateur : **public** et mot de passe : **public**.

Xénope

Semences en phase de germination

Huitre

Banques



Banques publiques

- ▢ Banques nucléiques
- ▢ Banques protéiques
- ▢ Banques de motifs protéiques
- ▢ Banques d'enzymes



Génomes complets

- ▢ Génomes eucaryotes
- ▢ Génomes bactériens
- ▢ Génomes archae



TRANSFAC®

- ▢ Demande d'accès TRANSFAC®
- ▢ Accès

Bases de données spécialisées

Ces bases sont en accès restreint.

Pour les consulter, nom d'utilisateur : **public** et mot de passe : **public**.

Xénope

Semences en phase de germination

Huitre

www.genouest.org

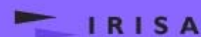
Banques nucléiques



Banques nucléiques

Nom	Version
Genbank	149.0 (08/05)
Embl	84.0 (10/05)
LocusLink	- (04/05)
IMGT	200541-6 (10/05)
IMGT HLA	2.9 (04/05)
Golden Human	version 17, build 35 du NCBI (11/04)
Golden Mouse	version 5, build 33 du NCBI (11/04)
Flybase	7.02 (10/02)
Unigene	182 (04/05)

Séminaires



UNE UNITÉ DE RECHERCHE
À LA POINTE DES SCIENCES ET DES TECHNOLOGIES
DE L'INFORMATION ET DE LA COMMUNICATION

ENGLISH

ACTIVITÉS SCIENTIFIQUES

MANIFESTATIONS SCIENTIFIQUES

COLLOQUES ET ÉCOLES | SÉMINAIRES | IRISATECH | TIM BRETAGNE
SIGNAL IMAGE | SYMBIOSE | CODES & TRAVAUX | RÉSEAUX ET SYSTÈMES | 88NORT

PARTENARIATS ET VALORISATION

FORMATION PAR LA RECHERCHE

CENTRE DE DOCUMENTATION

Vous êtes ici : Accueil » Scientific Events » Seminars » Symbiose

Symbiose seminar

Bio-Informatics events (seminar and thematic day conferences) in Rennes.

BioInfoOuest Thematic days (half-day seminar session Ouest-genopole)

The bio-informatics team (Symbiose) regularly organizes thematic-day conferences on various bioinformatics topics. The public of this thematic-day is made of computer scientists as well as biologists coming from all western France.

Genome plasticity. Monday, 07-02-2006. 14h. Salle Jersey.

Boris Vitzaner (Virginia Tech Blacksburg)
Studying evolution and mechanisms of host range in the phytopathogenic bacterium Pseudomonas syringae using comparative genomic
(summary)

Meriem El Karoui (URLGA, INRA Domaine de Vilvert)

Nouri Ben Zakour (INRA, Rennes)

Symbiose seminar (seminar of the team)

Ovidiu Radulescu (IRISA/IRMAR)

Jeudi, 06-10-05. 14h. Salle Minquiers.
Aspects stochastiques de la dynamique des réseaux en biologie moléculaire.
(summary)

Nicolas Beaume (INSERM 601, Cytokines et récepteurs, Nantes)

Thursday, 10-11-05. 14h. Salle Aurigny.
Identification de nouveaux membres dans des familles d'interleukines.
(summary)

Marc ferré (INSERM 694, Angers)

Tuesday, 22-11-05. 14h. Salle Aurigny.

Ivo Gut (Développement technologique, Centre National de Genotypage)

Les méthodes d'analyse d'ADN au Centre National de Genotypage
Thursday, 24-11-05. 14h. Salle Aurigny.

Other events dealing with bio-informatics

Journées de la plate-forme BioInfo

Mardi 18-10-05. Salle Métivier
(Programme)

RECHERCHER

ANNUAIRE TÉLÉPHONIQUE



Octobre 2005						
Lu	Ma	Me	Je	Ve	Sa	Di
					1	2
3	4	5	6	7	8	9
10	11	12	13	14	15	16
17	18	19	20	21	22	23
24	25	26	27	28	29	30
31						

www.genouest.org

The screenshot shows the homepage of the GENOUEST bioinformatics platform. The header features the GENOUEST logo on the left, the title 'PLATEFORME BIOINFORMATIQUE GENOUEST' in the center, and a search bar and navigation links (Accueil, FAQ, Plan, Contacts, English, Imprimer) on the right. Below the header is a horizontal menu with tabs for 'La plateforme', 'Outils', 'Banques', 'Séminaires', and 'Formations'. The 'Formations' tab is selected, leading to a page titled 'Formations'. This page lists three categories of training: 'Formations OUEST-genopole@' with an 'Inscription' link, 'Auto-formations' with a link to 'ISee - In Silico biology E-learning Environment', and 'Formations universitaires' with a link to 'DEA Génomique et Informatique responsables : C. Delamarche et D. Lavenier'. The 'HELIX BIOINFORMATICS' logo is also visible.

genopole®
QUEST

PLATEFORME
BIOINFORMATIQUE
GENOUEST


Rechercher


Accueil FAQ Plan Contacts English Imprimer


La plateforme Outils Banques Séminaires Formations

Vous êtes ici : Accueil > Formations

Formations


 **Formations OUEST-genopole@ :**

 **Inscription**

 **Auto-formations:**

ISee - In Silico biology E-learning Environment

HELIX
BIOINFORMATICS

 **Formations universitaires :**

DEA Génomique et Informatique responsables : C. Delamarche et D. Lavenier

**Inscription en ligne et recueil de vos besoins en formations**

Afin de pouvoir planifier les futures formations, nous vous sommes reconnaissant de bien vouloir compléter ce formulaire.

Inscription formations

☐ M. ☐ Mme ☐ Mlle ☐ M.

Nom :**Prénom :****Laboratoire :****Équipe :****Numéro de téléphone :****Mél** (prenom.nom@qqchose.fr) :**Formations :**

- ☐ Wisconsin Package
☐ Genostar
☐ Découverte de motifs
☐ BASE

Suggestions[Préciser ici d'autres formations](#)

Effacer

Continuer

Plan

- Le personnel de la plate-forme
- La future version du site Web
- **Les nouveaux outils**
 - **InclusionTool (Plate-forme découverte de motifs)**
 - **WAPAM (Plate-forme recherche de motifs)**
- L'arrivée de nouvelles machines

InclusionTool

- Des outils de découvertes de motifs
 - Liste de motifs
 - Motif inclus dans d'autres
 - [InclusionTool](#)

www.genouest.org

InclusionTool

Ensemble de
motifs au format
PROSITE

Cluster Parameter

Use cluster ?

Inclusion Parameters

Your pattern **PROSITE** list in FASTA format

```
>pat1  
M-A-YDR-[FHY]
```

AND/OR

Patterns file

***IS (ARE)
INCLUDED IN***

Your pattern **PROSITE** list in FASTA format

```
>pat2  
M-[AS]-YDR-[FHY]
```

AND/OR

Patterns file

?

InclusionTool



Plusieurs formats
d'affichage
pour le résultat :

- Html
- CSV(Excel)
- XML

InclusionTool

M-A-YDR-[FHY]

Est inclus dans

M-[AS]-YDR-[FHY]

Inclusion Result

Pattern [belonging to second pattern set]	Included Pattern(s) [belonging to first pattern set]
pat2	pat1

Patterns Submitted

Fasta_name	Pattern	Set
"pat1"	"M-A-YDR-[FHY]"	first pattern set
"pat2"	"M-[AS]-YDR-[FHY]"	second pattern set

Clusters selected

any cluster has been selected

Comments to [Webmaster](#)

Plate-forme de recherche de motifs

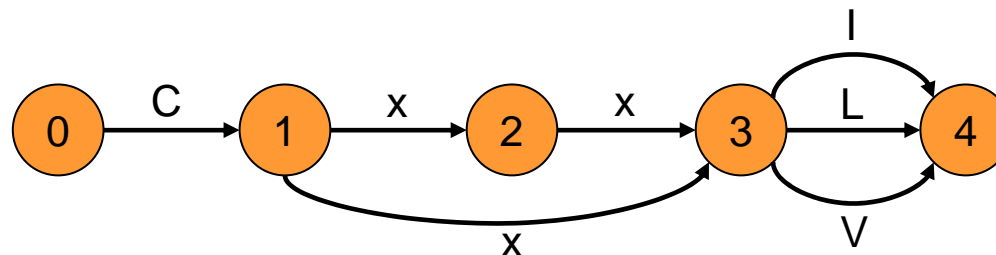
- Interface web d'outil de recherche de motifs développés au sein de l'équipe symbiose
 - **Stan** => motifs SVG (context-sensitive)
 - J. Nicolas, P. Durand, G. Ranchy, S. Tempel and A.S. Valin. Suffix-Tree ANalyser (STAN) : looking for nucleotidic and peptidic patterns in chromosomes. **Bioinformatics**
 - **Wapam** => modèle avec des poids

Wapam

- Recherche de motifs protéique et nucléique dans les banques biologiques / génomes
- Motif => Automate pondéré
- Exécution sur une « machine classique » ou alors via des machines à processeurs reconfigurables.

Wapam : Automate pondéré

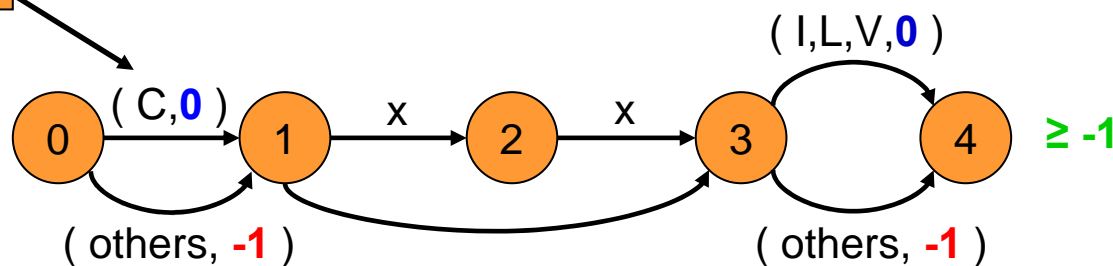
- Exemple de motif : **C - x(1,2) - [ILV]**



Automate

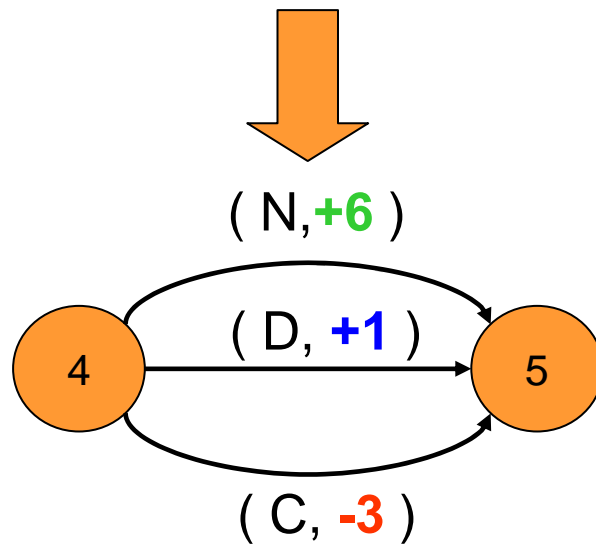
Recherche avec/sans erreurs

Pondération



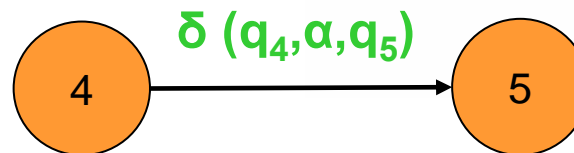
Automate pondéré

Wapam : Fonction de transition

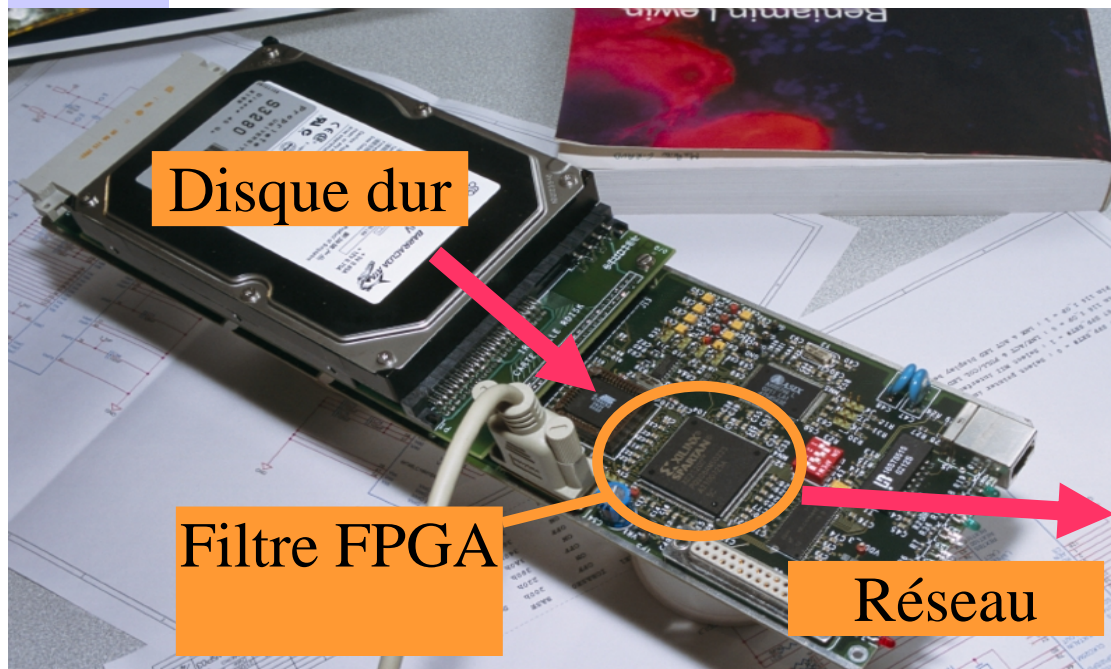
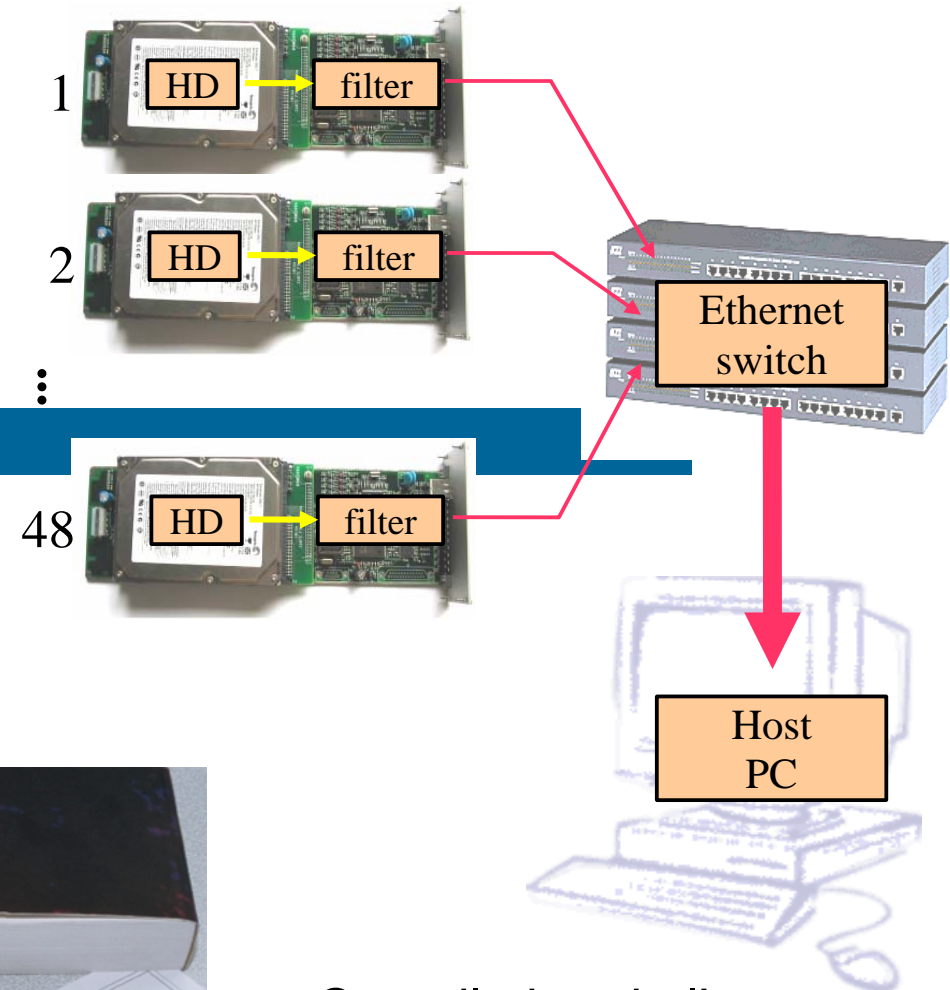


Matrice de substitution Blosum

	A	R	N	D	C	Q	
A	4	-1	-2	-2	0	-1	A
R		5	0	-2	-3	1	R
N			6	1	-3	0	N
D				6	-3	0	D
C					9	-3	C
Q						5	Q






R-disk



- Compilation de l'automate sur le FPGA
- Calculs à la volée dès la sortie des disques
- Vitesse d'analyse : 16Mo/s
- 20 Go : 2 minutes

Interface web de Wapam

- Disponible sur la plateforme de *recherche de motifs*

Pattern Matching on the Bioinformatics Platform						
	Pattern Type		Pattern Format	Target Sequence		
	Nucleic	Proteic		User Sequences	Genome	Public Data bases
STAN 1.0 	✓	✓	STAN format		✓	
WAPAM 1.1 	✓	✓	PROSITE		✓	✓
Pattern matching 	✓	✓	PROSITE	✓		
Grappe 3.0 [1]	✓	✓	Grappe Format	✓		

Wapam : première étape

Step 1 :

Your Mail :

Pattern:

My pattern is a DNA pattern : ☐

Use the RDISK accelerator (beta version) : ☐

Available on few databank or genomes

You have to re-generate the automata after a change of this option

Motif au format Prosite
simple
eg. pas d'utilisation des
symboles : <, > et *

Lancement de la recherche
avec RDISK (expérimental,
scanne EMBL en moins de 2
minutes)

Wapam : deuxième étape

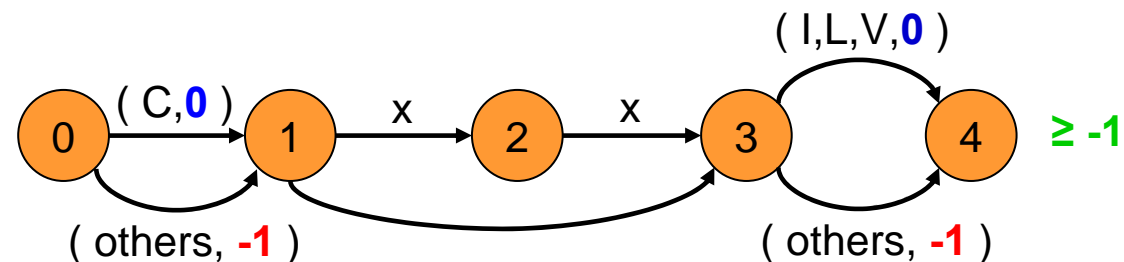
Step 2 :

Automata :

```
WFA gregory.ranchy@irisa.fr
WFA Pattern C-x(1,2)-[ILV] - strict
5 states, initial is 0, final is 4, 5 transitions, default threshold 0
```

->		A	R	N	D	C	Q	E	G	H	I	L	K	M	F	P	S	T	W	Y	V		
1	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	1	-1	-1	-1	-1	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1
1	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
2	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
3	4	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	0	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	0	-1	-1

WFA end



Wapam : troisième étape

Search within a ☒ data base or a ☐ genome

Data Base:

Or

Organism:

Chromosome(s):

Maximal errors number :

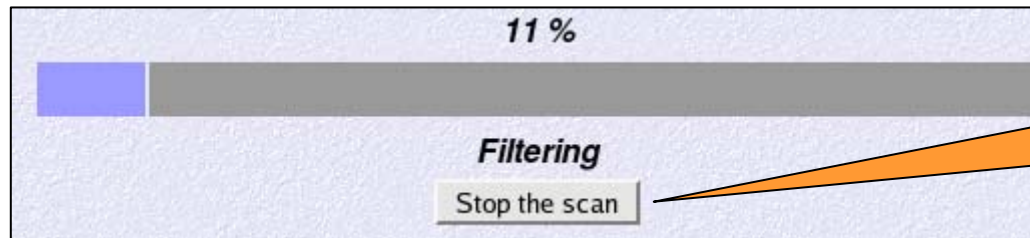
Display :
Each match : ☐
Each sequence matched : ☒

Interface de sélection de séquences standard de la plate forme

Nombre maximal d'erreurs autorisées sur le motif

Sélection des résultats à afficher

Wapam : indicateur de progression



Possibilité d'arrêter la recherche en cours

Warning : *Stopped after 1500 results.

Arrêt automatique lorsqu'il y a plus de 1500 résultats

Wapam : Les résultats 1/3



Wapam : Les résultats 2/3

Back Results per page : 10 Next
Begin Jump to : sw|O23878|13S1_FAGES 13S globulin seed storage protein 1 precursor (Legumin-like protein 1 Maximum sequences length : 30 End
Result 1 to 10 of 947

Boutons de navigation dans les pages de résultats

Saut rapide à une séquence ou un chromosome particulier

Nombre de résultats par page

Longueur de la séquence affichée

Wapam : Les résultats 3/3

Num	Sequence name	Strand	gregory.ranchy@irisa.fr					
			from	to	cost	sequence	length	
1	sw P15711 104K_THEPA 104 kDa microneme-rhoptry antigen.	plus	144	215	0	IESVFSLNMAFQLEN ... DTVTSVVGFFRGLRL	72	

Numéro du résultat

Lien vers le NCBI

Brin (pour les génomes)

Localisation du motif

Nombre d'erreurs

Séquence

Lancement de motifs multiples 1/2



Accès au lancement de patterns multiples

- Lancement de plusieurs motifs
- Sur plusieurs séquences (génomique)
- Plusieurs recherches en parallèles
- Tous les résultats dans un seul fichier

Lancement de motifs multiples 2/2

Pas de visualisation
graphique des résultats

Automatic WAPAM (multi-patterns)

Your Mail (needed) :

Request name:

Patterns file (in fasta format):

These patterns are nucleics: ☐

Tous les motifs sont dans
un fichier au format fasta

Plan

- Le personnel de la plate-forme
- La future version du site Web
- Les nouveaux outils
 - InclusionTool (Plate-forme découverte de motifs)
 - WAPAM (Plate-forme recherche de motifs)
- **L'arrivée de nouvelles machines**

De nouvelles machines

- Future (fin de l'année)
 - Ferme de calcul de 32 nœuds, chaque nœud est composé de 2 processeurs AMD Opteron et dispose de 4Go de mémoire vive
 - Trois machines de service :
 - Une machine pour le développement interactif
 - Une machine pour le serveur web (répliqué)
 - Une machine pour la soumission des travaux (et nœud d'I/O)
 - Un serveur de stockage SunStorage de 8 To pour les banques de séquences
 - Un serveur de fichier GFS

www.genouest.org

Questions?



**Emmanuelle
tu vas nous
manquer !**

