



## « BBRIC protocols » - version du 4 mai 2016

### Protocoles mis à disposition de la communauté BBRIC pour l'analyse de données

Le CATI BBRIC a développé et met à disposition de la communauté (« servie » par le CATI) un certain nombre de protocoles d'analyse de données génomiques. Le présent document inventorie les problèmes pour lesquels nous vous proposons un outil pouvant vous aider dans votre analyse. Nos protocoles sont disponibles via une interface web (basée ou pas sur Galaxy). Les protocoles pour lesquels nous avons dispensé une formation et pour lesquels nous disposons d'un support de formation sont également identifiés. Les supports sont disponibles dans les documents partagés de la liste de diffusion <https://listes.inra.fr/sympa/info/communaute-bbric> (envoyez un message à [communaute-bbric-request@listes.inra.fr](mailto:communaute-bbric-request@listes.inra.fr) pour vous inscrire)

#### Problématiques abordées (attention, nous n'avons pas la prétention de traiter tous les cas d'utilisation)

- |  |   |
|--|---|
| <ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>Assemblage</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Assemblage de petits génomes (&lt;100Mb) <ul style="list-style-type: none"> <li>▪ Données Illumina - F2014</li> <li>▪ Données PacBio – F2016</li> </ul> </li> <li>○ Suppression de la redondance dans un assemblage de transcrits</li> </ul> </li> <li>• <b>Annotation structurale de génomes</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Bactériens - F2014</li> <li>○ De champignons</li> <li>○ D'oomycètes</li> </ul> </li> <li>• <b>Annotation fonctionnelle de protéomes</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Basée sur le contenu en domaines fonctionnels – F2015</li> <li>○ Par transfert à partir d'une espèce modèle – F2015</li> <li>○ Identification de peptides signaux potentiels</li> <li>○ Identification de candidats effecteurs (oomycètes)</li> </ul> </li> <li>• <b>Analyse du polymorphisme</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Détection de SNPs à partir d'un génome de référence - F2015</li> <li>○ Détection de SNPs sans génome de référence - F2015</li> <li>○ Prédiction de l'effet d'un polymorphisme - F2015</li> <li>○ Construction d'une matrice de fréquences alléliques - F2015</li> </ul> </li> <li>• <b>Metagénomique</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Amplicons 16S et gyrB - F2016</li> <li>○ Assemblages de métagénomés bactériens – F2016</li> </ul> </li> </ul> | <ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>Génomique comparative</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Détection de transferts horizontaux chez les métazoaires - F2014</li> <li>○ Analyse de familles de protéines – F2015</li> </ul> </li> <li>• <b>Transcriptomique</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Mesure de l'expression sur la base d'un génome annoté - F2014</li> <li>○ Assemblage de transcriptome avec mesure de l'expression - F2014</li> </ul> </li> <li>• <b>Métabolisme</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Identification de voies métaboliques - F2015</li> </ul> </li> <li>• <b>Visualisation</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>○ De réseau - F2016</li> <li>○ D'informations hiérarchisées - F2016</li> </ul> </li> <li>• <b>Couteau suisse</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Conversion de formats et soumission de génomes annotés aux banques publiques – F2014</li> <li>○ Construction d'un serveur « blast » avec vos données</li> <li>○ Construction d'un génome browser avec vos données – F2016</li> </ul> </li> <li>• <b>Protocole pour le contrôle qualité</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Dans le cadre d'une manip de RNAseq - F2015</li> <li>○ Lors de l'assemblage de transcriptomes – F2015</li> </ul> </li> <li>• <b>Epigénétique</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Méthylome bactérien / PacBio - F2016</li> <li>○ Identification de régions régulatrices en FAIREseq – F2016</li> </ul> </li> </ul> |
|--|---|

Point d'entrée : <https://bbric.toulouse.inra.fr/> (login/password = login/password LDAP)

