

Journée thématique "Annotation"

9h30 *Introduction*

9h40 – 10h10 **Claire Toffano-Nioche** *Génome, évolution et développement de la plante, IBP*

Annotation dans les projets levure et Arabidopsis

Je présenterai l'expérience que j'ai acquise en participant à deux projets d'annotation d'eucaryotes, celui de la levure et celui de la plante *Arabidopsis thaliana*. Le premier consiste en l'annotation fonctionnelle de 5000 étiquettes d'un génome peu connu par comparaison au génome modèle levure. Le deuxième concerne la ré-annotation de familles de gènes du génome modèle de la plante *Arabidopsis thaliana*. Dans ce cas, l'annotation structurale (intron-exon) des gènes est nécessaire avant l'annotation fonctionnelle

10h10 – 10h30 **Monique Bolotin- Fukuhara** *Génétique Moléculaire, IGM*

**Génomes complètement assemblés versus séquences partielles :
quelle contribution respective pour la compréhension des fonctions?**

L'expérience de Genolevures qui s'appuie sur deux programmes différents, l'un de balayage des séquences de nombreuses espèces avec une couverture faible (Genolevures I) et l'autre (Genolevures II) de détermination de séquences complètement finies et assemblées permet d'évaluer l'importance relative de ces deux approches. Les résultats montrent que l'essentiel des informations concernant l'évolution moléculaire peuvent être déjà déduites de Genolevures I alors que la compréhension fine des fonctions cellulaires requièrent des génomes complètement assemblés et bien annotés.

10h30 – 10h45 *Pause-café*

10h45 – 11h30 **Christine Brun** *Génétique et Physiologie du Développement, Marseille*

**Méthodes de classification fonctionnelle des protéines à partir du réseau d'interactions
protéine-protéine**

Dans la première partie de l'exposé, la méthode PRODISTIN de classification fonctionnelle des protéines à partir du réseau d'interactions protéine-protéine sera présentée, avec ses applications aux interactomes de levure et de drosophile et les principaux résultats obtenus. Dans la deuxième partie de la présentation, l'utilisation des annotations fonctionnelles Gene Ontology pour les méthodes de classification des protéines sera discutée.

11h30 – 12h15 **Herman van Tilbeurgh** *Génomique Structurale, IBBMC*

**Can 3D-structure contribute to functional annotation?
Lessons from the YSG pilot project**

12h15– 14h00 *Déjeuner libre*

14h00 – 14h50 **Pierre Rouzé** *Bioinformatics & Evolutionary Genomics, Ghent University*

**Annotation structurale de génomes d'eucaryotes simples et complexes :
de l'algue au peuplier**

15h00 – 15h45 **Jean-François Gibrat** *MIG, INRA*

AGMIAL : une plate-forme d'annotation de génomes bactériens

L'annotation des données de séquençage du génome d'un organisme est une tâche complexe qui requiert de la part des biologistes l'intégration d'un grand nombre d'informations diverses. De façon à laisser l'expert humain se concentrer exclusivement sur cette tâche de haut niveau, il est nécessaire de développer des systèmes automatiques d'aide à l'annotation. Ces outils ont pour fonction principale de cacher les détails techniques et ainsi de rendre l'implémentation du système transparente aux utilisateurs, de centraliser et faciliter l'accès aux données importantes, et de présenter les résultats d'une façon synthétique et agréable aux annotateurs.

15h45 – 16h15 **Christine Froidevaux** *Bioinformatique, LRI*

RAFALE (Règles pour l'Annotation Fonctionnelle semi-Automatisée de la LEvure)

L'objectif du projet est d'assister les biologistes dans l'intégration de toutes les données en améliorant l'interaction, fondamentale, entre le système et l'expert humain. Nous envisageons la conception et la mise au point d'un système à base de règles qui reflète les connaissances des experts et qui permette l'annotation des données génomiques par une utilisation optimale des informations disponibles.

16h15 – 16h30 *Pause-café*

16h30 – 17h00 **Bernard Labedan** *Evolution Moléculaire et Génomique, IGM*

Approches expérimentales pour améliorer la réannotation des génomes

Après avoir décrit quelques cas d'annotation erronée et leurs conséquences, nous proposerons des approches expérimentales permettant une meilleure réannotation. Nous verrons comment cette démarche peut ouvrir sur des découvertes d'intérêt général.

17h00 – 17h30 **Michael DuBow** *Génomique et Biodiversité microbienne des biofilms, IGM*

Approche métagénomique de la biodiversité en microorganismes et phages dans l'environnement

17h30 – *Discussion générale*

Bilan de la journée, perspectives et conclusion(s)

Rappel : le Programme de PluriFormation "Bioinformatique et Génomique" a été créé par les laboratoires suivants

- Institut de Biotechnologie des Plantes (IBP)
- Institut de Génétique et Microbiologie (IGM)
- Institut de Biochimie et Biophysique Moléculaire et Cellulaire (IBBMC)
- Laboratoire d'Informatique pour la Mécanique et les Sciences de l'Ingénieur (LIMSI)
- Laboratoire de Mathématiques d'Orsay (LMO)
- Laboratoire de Recherche en Informatique (LRI)