

Une année d'actions dans SEDRE

par

Laurent Pierron

Lundi 04 novembre 2002



3 actions

Action plateforme Bio-Informatique

Action formation

Action développement

Action plateforme bio-informatique

Boîte à outils GCG

Pour rechercher, comparer, transformer des séquences d'ADN (textes composés des 4 lettres ATGC) et leurs variantes ARN et protéines.

Wisconsin Package : Blast, Fasta, Gap, plus de 100 commandes Unix

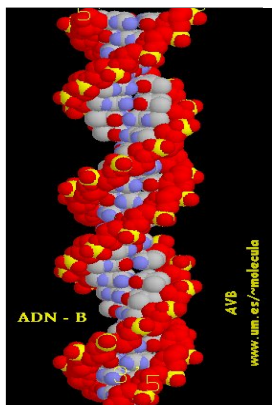
Base de données : GenBank, EMBL, PFam, etc.

Seqweb: interface Web

Compléments locaux

Loria : GRAPPE, MREPS, XMAP

Autres : JalView, Artemis



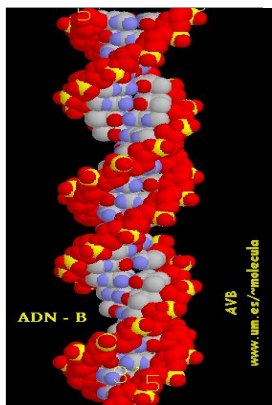
Action plateforme bio-informatique

Actions

- Installation, paramétrage de GCG et SeqWeb
- Assistance utilisateurs SeqWeb : 42
- Intégration composants locaux

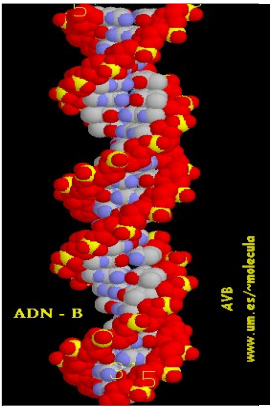
Compétences mises en oeuvre

- Administration Unix et serveur Web/Apache
- Programmation : sh, Perl, HTML



Perspectives bio-informatique

- Réorganisation répertoires GCG => meilleure intégration outils locaux
- Mise à jour régulière des bases de données via FTP
- Intégration XmapAuto et XmapDB nouvelles versions
- Portail Bio-Informatique en Lorraine : en cours de construction sous Zope
- Intégration GCG + biopython + bioperl
- Mise en place client-serveur pour interrogation des bases de données





Action formation

Objectifs des formations

Démystifier la programmation, en montrant qu'il est possible de réaliser rapidement des outils logiciels adaptés à ses besoins propres en réutilisant des composants existants et des langages de haut niveau.

Cours sur les langages de scripts

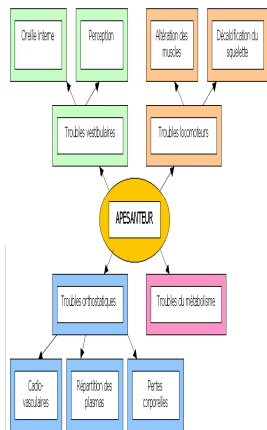
- Initiation comparative à Perl, Tcl et Python : quand, comment et pourquoi utiliser ces langages ?
- Construction d'interface utilisateur en Tk avec Perl, Tcl, et Python
- Journée QSL : assemblage de composants avec les langages de scripts.



Perspectives formation

Orienter plus la formation vers les biologistes

- Utilisation des outils Unix pour manipuler des fichiers de séquence : grep, sed, diff, xargs, etc.
- Initiation à BioPython et BioPerl
- Journée QSL sur les Bio[XML, Perl, Python, Java] ??
- Pour [bio]informaticiens : Intégrer des composants C, C++, Java, .COM, .NET à Python



Action développement

axe bio-informatique : XmapDB

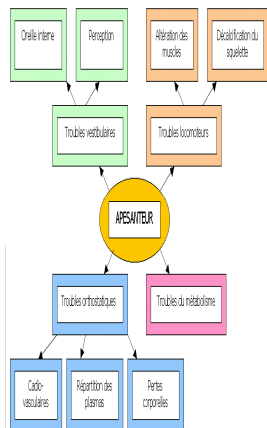
Interface d'enregistrement de documents XML dans une base de données relationnelle pour effectuer des analyses statistiques des informations.

axe bio-informatique : PpreLoc

Recherche de motifs dans les gènes.

service commun : phpMyConferences

Outil intuitif de gestion de conférences via un navigateur Web.



XmapDB

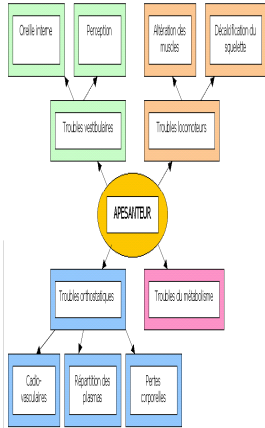
Interface d'enregistrement de documents XML dans une base de données relationnelle pour effectuer des analyses des données.

Demandsurs : M.-D. Devignes et M. Smail, équipe LED.

- Reprise prototype Java. Création BD.
- Outil générique de conversion XML vers SQL.
- Interface utilisateur Web d'interrogation de la base de données.

Compétences mises en oeuvre

- Développement : Python/Spyce (php-like), Java, SQL, HTML, XML, XSLT, XPATH
- Base de données : PostgreSQL



PpreLoc

Recherche de motifs dans les gènes.

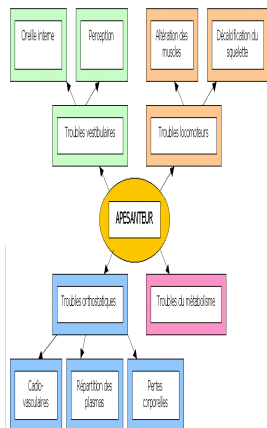
Demandeur : Marie-Dominique Devignes, équipe LED.

Développement d'un outil paramétrable de recherches de motifs de séquences d'ADN (PPREs) dans des gènes.

Adaptation et rectification d'un outil préexistant (PpreFinder) développé par un stagiaire.

Compétences mises en oeuvre

- Développement : Python, Java, sh



phpMyConferences

Outil intuitif de gestion de conférences via un navigateur Web.

Demandeur : Gérome Canals, équipe ECOO.

Ajout de la fonctionnalité de création de listes personnalisées.

Compétences mises en oeuvre

- Développement : PHP, HTML, SQL
- Base de données : MySQL

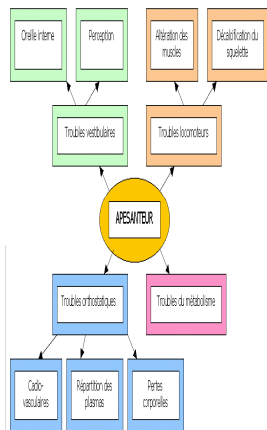
Perspectives développement

Axe bio-informatique

- Interface utilisateur Web de XmapDB (en cours)
- Maintenance XmapAuto et XmapDB
- Consolidation et intégration PpreLoc à PpreFinder

Service commun

- Maintenance évolutive phpMyConferences
- Evolution tout-XML du classeur RaWeb





MERCI de votre attention !