HAL
open science

AphidAtlas : avancées récentes

Anthony Bretaudeau, Olivier Dameron, Fabrice Legeai, Yvan Rahbé

To cite this version:

Anthony Bretaudeau, Olivier Dameron, Fabrice Legeai, Yvan Rahbé. AphidAtlas : avancées récentes. BAPOA 2013 MOP, Oct 2013, Montpellier, France. hal-00913155

HAL Id: hal-00913155

https://inria.hal.science/hal-00913155v1

Submitted on 3 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Résumé

Bretaudeau A, Dameron O, Legeai F, Rahbé Y. 2013. AphidAtlas: avancées récentes. In *BAPOA 2013 MOP*, ed. M Uzest, pp. 1. CIRAD Lavalette Campus Montpellier: INRA

Reference Type: Conference Paper
Editor: Uzest, Marylin
Conference Name: BAPOA 2013 MOP
Conference Location: CIRAD Lavalette Campus Montpellier
Publisher: INRA
Pages: 1
Date: 11/10/2013

Abstract: AphidAtlas est une ressource informatique dédiée à la gestion des données anatomiques et développementales des pucerons (sur un plan d'organisation homologue des insectes). Ces informations anatomiques, morphologiques et de développement, représentées par un vocabulaire contrôlé et structuré (ontologie) sont construites pour relier les base génomiques comme AphidBase (http://www.aphidbase.com) et les données -omiques (EST, RNA-Seq, microarrays, protéomique) produites par les biologistes. Ces ontologies, tout comme GO pour la description des gènes, ont pour objectif de structurer la connaissance biologique des métadonnées accompagnant les données -*omiques*. Sans ces ontologies, aucune méta-analyse de qualité ne peut être produite, autrement que manuellement, ce qui s'avère vite impossible.
Les données morphologiques du projet AphidAtlas seront recueillies par le biais d'un sous-groupe de biologistes déjà identifiés au sein du consortium international de génomique des pucerons (IAGC), et seront associées au Système d'Information AphidBase à l'aide d'un outil développé dans le cadre de ce projet. La version.1 serait donc un site web public inclus dans la gamme de sites partenaires/satellites d'AphidBase.
Les données d'expression issues de projet EST, micro-arrays et RNA-Seq serontégalement accessibles par l'intermédiaire du système de gestion des données du CATI BBRIC, et pourront être exploitées grâce à un serveur Galaxy (http://galaxyproject.org/).
De cette première initiative pour croiser des données anatomiques/développementales avec des données d'expression génique, le projet tirera les enseignements nécessaires à l'exploitation à grande échelle de données de phénotypes associés aux génotypes de mieux en mieux connus (40 génomes de l'espèce A.pisum sont par exemple déjà acquis) afin d'accroître les connaissances relatives à l'évolution et la diversité des insectes ravageurs des cultures. Un soin particulier sera accordé à la notion d'homologie anatomique, pour permettre une profondeur de méta-analyse qui pourra bénéficier à terme à toute la communauté de recherche sur les insectes ravageurs d'intérêt agronomique. Des correspondants seront identifiés également hors de la communauté puceron, qui intègrenet donc le périmètre actuel de BAPOA (psylles, cochenilles, bientôt aleurodes…).
Un modèle d'Atlas est constitué par les ontologies drosophile développées au sein de Flybase, comme par celles développées depuis peu au sein du projet Vectorbase coordonné par l'EBI (insectes d'intérêt médical).