

# Mises en perspective

Analyse bioinformatique de séquences  
pour l'amélioration des plantes

# Mercredi 12 février 2014

- Concepts

- Composantes d'un génome (structures codantes, éléments transposables)
- Principes d'annotation automatique (méthodes intrinsèques ou comparatives, intégration)
- Annotation structurale / fonctionnelle
- Annotation automatique et biocuration
- Visualisateurs de génomes

- Compétences

- Interpréter un DotPlot
- Manipuler Artémis
- Corriger l'annotation d'une séquence

# Mise en perspective: Annotation des génomes

Gene prediction  
(SNAP)



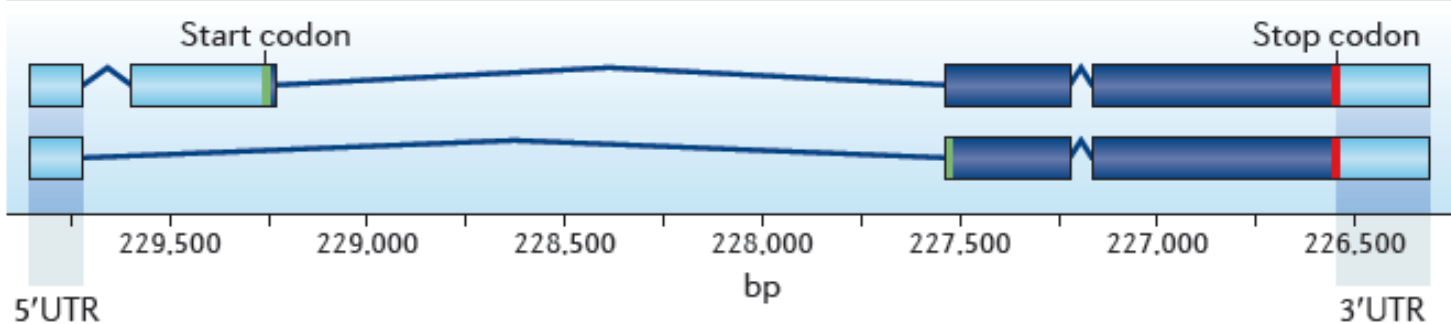
mRNA or EST evidence  
(Exonerate)



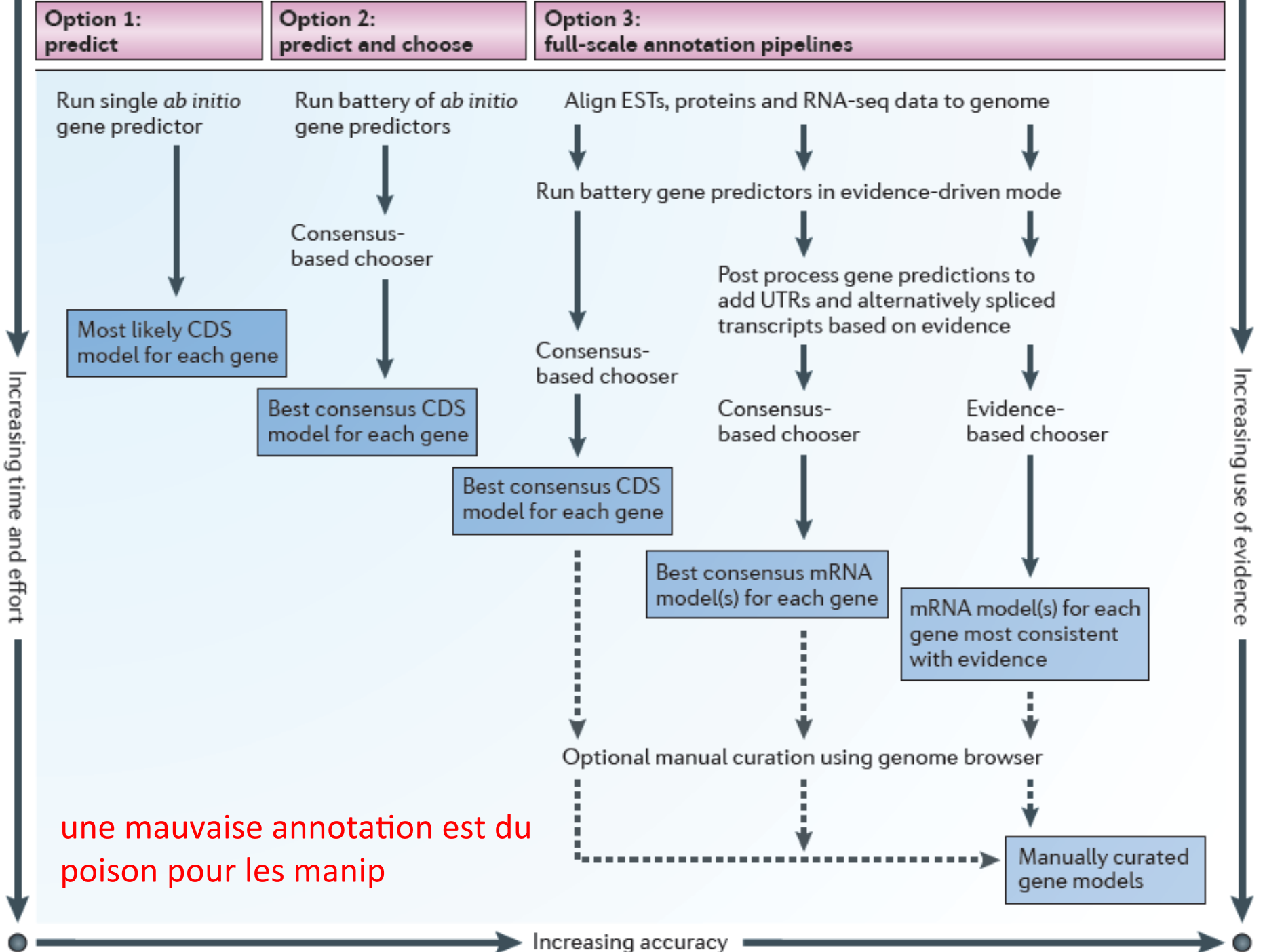
Protein evidence  
(BLASTX)



Gene annotation resulting  
from synthesizing all  
available evidence  
(two alternative splice forms)

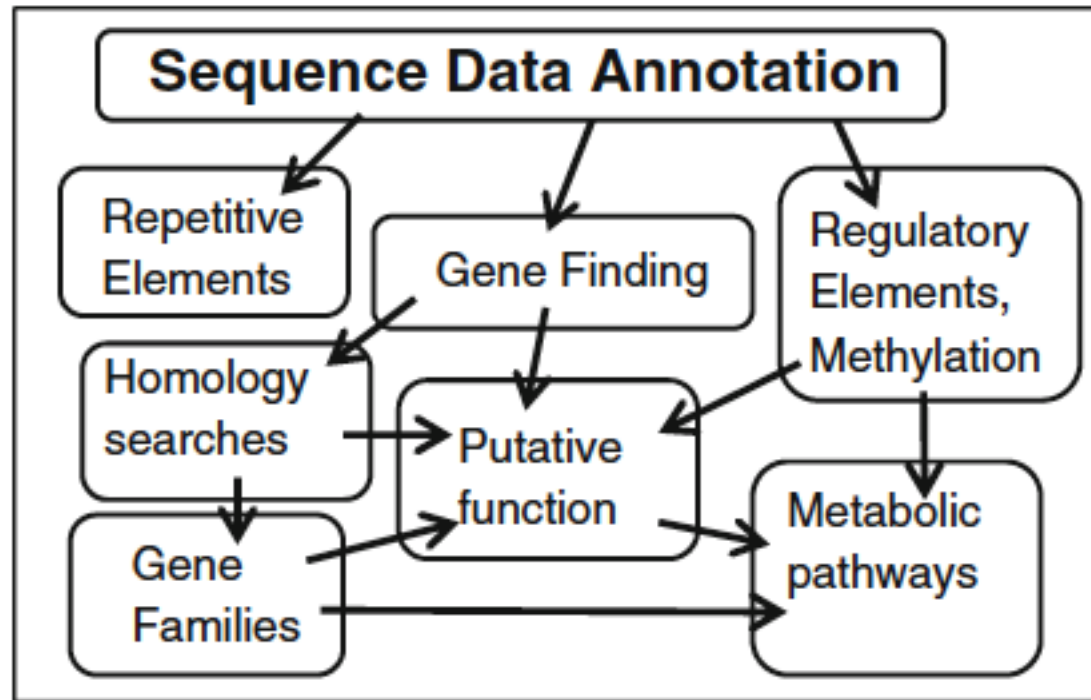


229,500 229,000 228,500 228,000 227,500 227,000 226,500  
bp  
5'UTR 3'UTR



une mauvaise annotation est du poison pour les manip

# Mise en perspective: Annotation des génomes



# Nouveautés à venir

- Augustus annotation verticale de plusieurs génome simultanément
- mgene prend en compte les RNA-seq et le modèle de gène non codant pour la prédiction de gènes codant des polypeptides

# Bibliographie

- R.J. Henry et al. **Application of large-scale sequencing to marker discovery in plants.** J. Biosci. (2012) 37(5) 829-841
- M. Yandell & D. Ence. **A beginner's guide to eukaryotic genome annotation.** Nature reviews. Genetics (2012). 329-341