

Compte Rendu Visio Conférence *PepiAnnot*

2 Octobre 2018 -11h00 / 12h30

<https://rendez-vous.renater.fr>

le 19 Novembre 2018

Membres (11)	Unité	Présent(e)s
AMSELEM Joëlle	URGI, INRA Versailles	excusée
BOUDET Nathalie	IPS2, MdC UEVE, Gif sur Yvette	excusée
BRUNAUD Véronique	IPS2, Gif sur Yvette	oui
CHOULET Frédéric	INRA GDEC-UCA, Clermont-Ferrand	excusée
CORRE Erwan	CNRS Roscoff	oui
DA-ROCHA Martine	INRA, Sophia Agrobiotech, Antibes	oui
KREPLAK Jonathan	INRA, Dijon	oui
LEROY Philippe	INRA GDEC-UCA, Clermont-Ferrand	oui
RIMBERT Hélène	INRA GDEC-UCA, Clermont-Ferrand	excusée
ROGIER Odile	INRA Orléans	oui
VELT Amandine	INRA Colmar	oui

Ordre du jour :

1. Première réunion en présentiel du Groupe de travail PepiAnnot1
2. Rythme des visioconférences1
3. Site web1
4. Présentation Martine Da Rocha : Annotation des smallRNAs.....2
5. Prochaine VisioConf2

1. Première réunion en présentiel du Groupe de travail PepiAnnot

Journée annotation structurale et fonctionnelle des génomes eukaryotes le 15 novembre 2018 à l'Institut des Systèmes Complexes, 113 rue Nationale 75013, Paris - 9H30-16h30.

Programme disponible sur le lien : <https://pepi-ibis.inra.fr/journeethematique-annotation-genomes>. Cette réunion est financée par l'Unité Ingenum de l'INRA.

2. Rythme des visioconférences

Le rythme qui semble se stabiliser serait donc de 4 visioConférences par an (Janvier, Avril, Juin, Septembre) et si possible une réunion en présentiel par année également en Novembre.

Pour les VisionConférences la plage horaire idéale serait de **10h00 à 11h30**.

3. Site web

<https://pepi-ibis.inra.fr/annotation-genomes>

4. Présentation Martine Da Rocha : Annotation des smallRNAs

- Contexte de l'études : Identification des sRNAs exprimés dans la racine de tomate lors de l'infection par un nématode
- Séquençage des smallRNAs
- Challenge de la prédiction des smallRNAs
- Attention au Kit de construction de librairie utilisé pour nettoyage adaptateur. La PF a utilisé kit NextFlex (PerkinElmer), plus performant que celui d'Illumina.
- Outils bio-informatiques utilisés : description, fonctionnement et utilisation de Shortstack, de Mirdeep2 et son adaptation aux plantes, de miRCat2
- Tous les outils utilisent RNAfold
- Bilan de la comparaison : très peu de prédiction de small en commun (36 en commun). Les filtres de ShortStack sont plus stringents que miRdeep.
- Base de données sur les smallRNAs

5. Prochaine VisioConf

Janvier 2019

Photo du jour

