

# Compte Rendu Visio Conférence *PepiAnnot* 08 décembre 2023 -13h30

Lors de la visio PepiAnnot :

- Il y avait 20 personnes connectées

## Ordre du jour :

Ordre du jour : .....	1
1. Animation du PEPIAnnot.....	1
2. Futurs thèmes à aborder.....	1
3. Prochaine réunion PepiAnnot.....	1
4. Présentation InterproScan et eggNOG-mapper Johann Joets (IDEEV) et Véronique Brunaud (IPS2).....	2

---

### 1. Animation du PEPIAnnot

Animateurs : Martine Da Rocha, Jacques Lagnel et Véronique Brunaud

Toutes les infos sur le site du PEPI IBIS <https://pepi-ibis.inrae.fr/annotation-genomes>

Fait-on une journée PEI-Annot via demande SAPI coté pan-genome ? BioInfomics va faire une action sur 2j sur les pan-génomés. On va plutôt faire ça en mode visio sur ½ journée pour 2024.

Mutualiser les licences, par ex pour Blast2GO → voir pour 2024 avec la Dipso

### 2. Futurs thèmes à aborder

- DGenies - DotPlot de chromosomes entiers - *KLOPP Christophe (Philippe)*
- Annotation fonctionnelle - Mercator4/MapMan – (proposition Véronique *DELANNOY Etienne (à contacter)*)
- Re- annotation des familles de gènes
- Coté pan-génome plante ou bactérie ?
- Annotation structurale et fonctionnelle outil avec Helixer (proposition d'Alexandre Cormier), IA et annotations des génomes: annotation de plusieurs génomes, <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2023.02.06.527280v1.full.pdf>
- Véracité des extrémités des gènes : pb d'annotation avec Araport11 et aussi les GFF pas toujours bien faits.
- Synthénie avec outil genespace

#### Plus général concernant le PEPI-IBIS

- **R shiny & R markdown** - outils puissants pour l'analyse et la traçabilité en bioinformatique
- SnackMake vs NextFlow : comparaison et qui utilise quoi ...

### 3. Prochaine réunion PepiAnnot

→ Retour d'expérience sur Helixer 1<sup>er</sup> trimestre 2024

→ Envoyer un mail à Fabrice et Alexandre Cormier pour présenter Helixer fin mars

#### 4. Présentation InterproScan et eggNOG-mapper Johann Joets (IDEEV) et Véronique Brunaud (IPS2)

##### Johann : comparaison de l'annotation de 8 lignées de Maïs

- But : Annoter un pan-génome :
- Annotation structurale après assemblage de façon indépendante : maker, pas lift-off car voulait avoir des annotations indépendantes + RNA-seq spécifique à chaque génotype
- Annotation de chaque génome via InterproScan et eggNOG-mapper
- Certaines annotations sont spécifiques de l'un de l'autre outil
- Au niveau de la GO (via les GOID) environ 50% des GOID sont spécifiques de l'un ou l'autre → plus d'annotation GO avec eggNOG

→ rq : ça dépend vraiment de la question car eggNOG fait de l'orthologie dans un but de faire de la phylogénie donc sûrement mieux quand on fait de la comparaison de protéomes, mais pour être plus exhaustif InterproScan sera mieux.

→ eggNOG + spécifique mais moins sensible qu'InterproScan

##### Véronique : montre juste le principe d'eggNOG-mapper

- But de l'outil eggNOG-mapper est de rechercher les protéines de référence=seed, les plus proche de la query.
- Input : on peut jouer sur la base eggNOG (chercher dans un regne etc.), les paramètres d'entrée %ident, couverture sont à ajuster suivant le but de la recherche
- Attention il existe une version ligne de commande qui ne met pas de paramètre par défaut !
- Output : liste des seed retrouvées et leurs annotations, liste des orthologues classés par type (seed, on2one, one2many)
- Très rapide !