

Système d'annotation basé sur les outils GMOD

chado/GBrowse/Apollo

Formation assurée par Joëlle Amselem (JA) et Baptiste Brault (BB)

Mercredi 09/06/2010

11h00 - 17h30

The URGI genomic annotation platform for plant and fungi

- Pipeline, BD, Interfaces
- outils de recherche (quick and advanced)
- Présentation du système d'annotation manuelle expertisée (chado/apollo/gbrowse)

Introduction à la base de données chado

- Schema du module sequence et de ses dépendances
- Format GFF3 optimisé pour le stockage dans chado et la recherche d'information pertinente
- insertion de données dans la base (Bulk-loader GMOD et exemple de scripts pour l'automatisation de l'insertion)

TP Chado

- TP : création d'une base de données Chado
- TP : Insertion de données dans la base chado
- Tutorial : Exploration des modules General, CV, Sequence

Jeudi 10/06/10

9h00 - 17h00

GBrowse

- Présentation de Gbrowse existant et de leur configuration associée
- TP : Installation de GBrowse / Configuration de GBrowse 1.7 et 2.01

Apollo

- Présentation de l'interface d'annotation manuelle Apollo
- Présentation de configuration existante

Vendredi 11/06/2010

9h00 - 15h00

Apollo suite

- TP : Installation / Configuration d'un Apollo webstart connecté directement à Chado utilisant le "pure JDBC" direct communication protocol".
- training

Questions /réponses