

Navigation et fonctionnalité du site Mediante

Novembre 2007

Le BRIGAND Kévin

04-93-95-77-92

lebrigand@ipmc.cnrs.fr

SOMMAIRE

Page 2	<u>Page d'accueil du site Mediante</u>
Page 3	<u>Recherche des séquences d'intérêts</u>
Page 5	<u>Listes des Gènes</u> <ul style="list-style-type: none">- Création d'une liste de gènes,- Sélection des oligonucleotides,- Utilité des listes de gènes.
Page 9	<u>Interface de gestion des projets de recherche</u> <ul style="list-style-type: none">- Dépôt d'un projet de recherche,- Dépôt d'une commande de lames,- Renseignement des résultats d'hybridation,- Renseignement des informations MIAME,
Page 17	<u>Interface d'analyses des lames (« Image manager »)</u>
Page 25	<u>Interface de téléchargement de fichiers d'annotations</u>
Page 27	<u>Interface de lancement des Blasts</u>
Page 29	<u>Page de description des gènes</u>
Page 32	<u>Page de description des oligonucleotides</u>
Page 33	<u>Page de description des microARNs</u>
Page 36	<u>Page de description des chromosomes</u>

Page d'accueil du site Mediante

Une fois logué sur l'interface vous accédez à la page d'accueil de l'application. Cette page reprend les différentes parties de l'application et donne une explication succincte de leurs fonctionnalités. Sur cette page il est possible de charger la procédure de commande des lames produites sur la plate-forme.

Recherche Listes de gènes Microarrays Télécharger Annotation Blast

Aide

Page d'accueil du projet Mediante

Mediante est le portail d'informations dédié à la **présentation** et aux **commandes** des lames RNG/MRC 25k Homme et Souris pour l'étude de leur transcriptome.
[Télécharger le procédure de commande des lames RNG/MRC 25k, Affymetrix et MicroRNA 2k](#)

Les différents onglets vous permettent de sélectionner la partie de l'application vers laquelle vous souhaitez vous diriger :

- Recherche,
- Listes de Gènes,
- Microarrays,
- Télécharger,
- Annotation,
- Blast.

A tout moment une aide est disponible en haut à gauche de chaque page du site Mediante. Cette page d'aide permet de comprendre l'ensemble des fonctionnalités disponibles sur la page en cours. Elle apparaît sous la forme d'une fenêtre popup qui doit être autorisée sur les préférences de votre navigateur dans les options.

Recherche des séquences d'intérêts (Recherche)

Cette interface de recherche permet facilement de parcourir l'ensemble des annotations présentes dans la base de données **Mediante**. Vous devez dans un premier temps sélectionner l'espèce sur laquelle vous souhaitez avoir des informations.

Recherche des séquences d'intérêts	
Organisme	human
Rechercher	Mots-clés
Fichier	<input type="text"/> Browse...
Requête	<input type="text"/>

Valider

Vous avez la possibilité de rechercher des séquences de plusieurs manières :

Mots-clés
Gene symbol
Accession number
Genbank gene ID
Unigene ID
MicroRNA accession (mir-155%hsa)
RNG/MRC oligos Id
Agi/Illu/Phal oligos ID
Term gene ontologie
Bandes chromosomiques

Options de recherches :

- Mots-clés : recherche approximative sur la description des séquences,
- Accession number : recherche exacte sur l'accèsion number des séquences,
- Bandes chromosomiques : recherche sur la position chromosomique des séquences,
- Gene Ontology : recherche approximative sur les termes GO annotant les séquences,
- Oligo adhoc : recherche sur les annotations des séquences faisant partie du groupe des oligos adhoc (Puces : PCR, microRNAs, autres espèces),
- Gene symbol : recherche approximative sur le gene symbol des séquences,
- Gene ID : recherche sur le Gene ID Mediante,
- Unigene ID : recherche exacte sur le cluster Unigene ID,
- Oligo externe : recherche sur les annotations des séquences faisant partie du groupe des oligos externes (Puces : Affymetrix, Agilent, Illumina et Phalanx),
- RNG Oligo ID : recherche exacte sur le Oligo ID **Mediante** repris dans le fichier .GAL.

Sur cette interface de recherche, il existe la possibilité de charger une liste de termes à rechercher à l'aide du chargement d'un fichier. Ce fichier doit être un fichier de format texte avec uniquement les termes à rechercher séparés par des « retour-chariot ».

La requête peut contenir des * pour effectuer une recherche approximative, et les termes de recherche doivent être séparés par des « , ». A la suite du lancement d'une recherche, les résultats sont retournés sous forme d'un tableau reprenant les accession_number, les symbols et les descriptions des séquences trouvées :

Nombre de résultats : 3		⏪ ⏩ ⏴ ⏵ page 1/1 ⏴ ⏵ ⏪ ⏩
Accession	Symbol	Description
NM_000634	IL8RA	Homo sapiens interleukin 8 receptor, alpha (IL8RA), mRNA...
NM_001557	IL8RB	Homo sapiens interleukin 8 receptor, beta (IL8RB), mRNA....
NM_000584	IL8	Homo sapiens interleukin 8 (IL8), mRNA.

En cliquant sur le lien de l'accession_number vous accéderez au descriptif de la séquence trouvée par la recherche (cf. *Page de description des gènes*).

Dans le cas d'une recherche d'un microARN par exemple la requête « mir-155 » sur les Oligo_adhoc retourne les résultats suivants :

Nombre de résultats : 4		⏪ ⏩ ⏴ ⏵ page 1/1 ⏴ ⏵ ⏪ ⏩
Reference	Microarray Project	
mir-155[xtr,dre,gga]	MicroRNA 1k - v1	
mir-155[mmu]	MicroRNA 1k - v1	
mir-155[hsa]	MicroRNA 1k - v1	
mir-155*[hsa]	MicroRNA 1k - v1	

En cliquant sur la référence du microARN, vous accédez à la page de présentation des microARNs (cf. *Page de description des microARNs*).

Les Listes de Gènes (Listes de Gènes)

L'onglet « liste de gènes » vous permet de sauvegarder en base de données des listes de gènes qui vous intéressent. Vous aurez ainsi, grâce à cette fonctionnalité la possibilité de tester les sets d'oligonucleotides désignés et stockés sur **Mediante** contre vos séquences d'intérêts.

Supprimer	Date	Organisme	Description	-
	2007-07-26	human	no oligos	Charger

Créer une nouvelle liste de gènes

Organisme	<input type="text" value="human"/>
Description (16 caract. max)	<input type="text"/>

[Valider](#)






La page d'accueil reprends vos projets de listes de gènes déjà stockés dans la base de données **Mediante** et immédiatement chargeables dans l'interface. Vous avez la possibilité de créer une nouvelle liste en sélectionnant un organisme et en tapant un descriptif pour cette nouvelle liste.

Une fois la nouvelle liste créée, il faut à présent lui associer des séquences sur lesquelles vous souhaitez travailler. Vous pouvez pour cela basculer vers la recherche de séquences d'intérêts via l'interface de recherche de gènes, soit uploader une liste de séquences par l'intermédiaire d'un fichier au format FASTA.

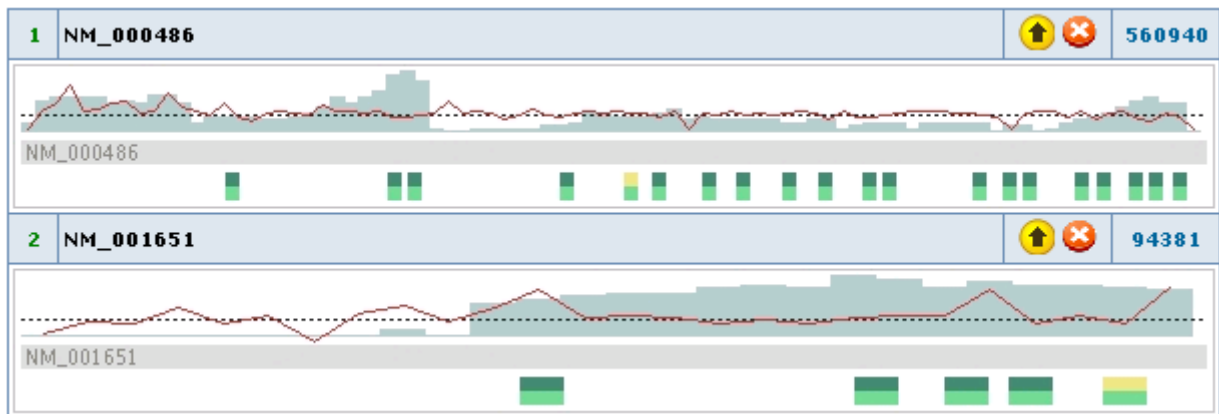
Détails de la liste de gènes chargée

[Recherche](#) [Charger](#) [Télécharger](#) [Blast](#) [Stop](#)

Organisme	human
Description (16 caract. max)	Aquaporin
Initiateur	<i>Le Brigand Kevin</i>
Droits d'écriture	<i>Le Brigand Kevin</i>
Droits de voir	<i>Le Brigand Kevin</i>
séquence(s) en mémoire:	5

Page	Référence séquence	Référence oligo	Supprimer
<i>page 1</i>	NM_000486	Aucun oligo associé	
	NM_001651	Aucun oligo associé	
	NM_004028	Aucun oligo associé	
	NM_004925	Aucun oligo associé	
	NM_000385	Aucun oligo associé	

Dès que vous avez associé des séquences à votre projet vous pouvez lancer un Blast contre les oligonucleotides **Mediante** désignés pour l'organisme sélectionné.



.....

La page de présentation du Blast reprend les séquences de votre set de séquences par tranche de 20 séquences. Pour chacune de ces séquences, vous avez la possibilité de visualiser les matches ESTs en gris et les cross-hybridations potentiels le long du transcrit (cf. *Page de présentation des gènes*, pour plus d'informations).

En dessous, vous visualisez l'ensemble des oligonucleotides qui matchs la séquence. Vous pouvez à ce niveau sélectionner l'oligonucleotide que vous pensez être le plus adéquat pour la détection microarray de ce transcrit si la sélection par défaut ne vous convient pas (cf. **Le Brigand et al., NAR, 2006**).

Les deux boutons à droite de chaque transcrit vous permet soit de revenir à la sélection par défaut soit de ne pas sélectionner d'oligonucleotide.






Code couleur des oligonucleotides :

- partie haute de l'oligonucleotide :
 - o jaune : oligonucleotide sélectionné,
 - o vert : oligonucleotide disponible à la sélection,
 - o bleu : oligonucleotide par défaut.
- partie basse de l'oligonucleotide :
 - o vert : match avec 100% identité,
 - o orange: match avec > 95% identité,
 - o bleu : match avec < 90% identité.

Lorsque vous avez sélectionné le(s) oligonucleotides pour vos séquences d'intérêts, vous revenez à la page récapitulative de votre projet de liste de gènes :

Détails de la liste de gènes chargée  Recherche Charger Télécharger Sélection Mail Sauver Donner Stop

Organisme	human
Description (16 caract. max)	Aquaporin
Initiateur	<i>Le Brigand Kevin</i>
Droits d'écriture	<i>Le Brigand Kevin</i>
Droits de voir	<i>Le Brigand Kevin</i>
séquence(s) en mémoire:	5

Page	Référence séquence	Référence oligo	Supprimer
<i>page 1</i>	NM_000486	560940	
	NM_001651	94381	
	NM_004028	333213	
	NM_004925	10160	
	NM_000385	86567	

Vous avez la possibilité ici de sauvegarder votre sélection ou de recevoir un mail récapitulatif de votre sélection. Vous pouvez également transmettre ce projet de liste de gènes à un collègue afin de valider votre sélection. Pour cela vous devez envoyer un mail à l'administrateur de **Mediante** (lebrigand@ipmc.cnrs.fr) afin de définir votre liste de collègues. Une fois cette liste de collègues mise à jour, vous pourrez transmettre votre projet afin d'avoir une sélection en collaboration avec d'autres équipes. Historiquement, ce processus a été mis en place afin de permettre la sélection des « meilleurs » oligonucleotides pour chaque séquence pour la mise en place des puces pangenomiques ResoGen 25k homme et souris.

L'objectif numéro 1 est ici de vous constituer une sélection d'oligonucleotide dont vous pourrez récupérer les annotations et ainsi vous permettre de construire votre propre puce dédiée.

L'objectif numéro 2 de cette interface est de vous construire (créer) une liste de gènes d'intérêt afin de pouvoir utiliser cette liste dans les autres parties de **Mediante** et notamment au sein de l'interface de visualisation des microarrays (cf. *Image manager*). Vous aurez par exemple la possibilité de faire appel à vos listes de gènes afin de visualiser directement les spots sur les lames que vous aurez chargé dans le système de gestion des projets personnels. Des graphes personnalisés seront alors accessibles très rapidement compte tenu du fait que ces listes de gènes représentent vos gènes d'intérêt.




Interface de gestion des projets de recherche (Microarrays)

Cette partie de l'application vous permet de gérer très facilement l'ensemble de vos projets de recherche dont la commande de lames est réalisée au sein de l'interface **Mediante**. La gestion de ces projets est organisée à la manière d'un LIMMS (Laboratory Information Management Systems) classique dédié à la gestion des puces à ADN produites sur les plate-formes transcriptome de Nice, Evry et Strasbourg.






Lorsque vous arrivez pour la première fois sur cette page, aucun projet personnel n'est enregistré. Vous devez alors suivre le lien pour la création d'un nouveau projet de commande de lames :

[Déposer un nouveau projet de commandes de lames](#)

L'interface de dépôt de projet se présente ainsi :

  Déposer un nouveau projet de commandes de lames	
* Titre	<input type="text" value="Analyse de l'expression des genes"/>
* Date	<input type="text" value="2008/02/25"/>
* Durée	<input type="text" value="52"/> semaine(s)
* Description	<input type="text" value="Analyse transcriptomique de tissus cancéreux"/>
Keys	<input type="text" value="ADAM10"/>  <input type="text" value=""/> <input type="button" value="Add New"/>
Liste des mot-clés	Aucun mot-clé associé

Veillez à bien renseigner l'ensemble des informations en étant le plus précis possible. Ces informations seront par la suite des informations reprises pour la publication de vos lames dans les bases de données publiques tel GEO, le jour ou vous aurez décidé de publier votre projet de recherche.

 Liste de vos projets de recherche	
Analyse de l'expression des genes	   
Il n'existe aucune commande associée a ce projet de recherche	

Une fois votre projet créé, vous avez accès à une liste d'action concernant votre projet de recherche :



Edition des caractéristiques de votre projet,



Visualisation synthétique des hybridations des lames de votre projet,



Lancement de l'outil d'analyse de votre projet (cf. *Image manager*),



Ajout d'une commande de lames à votre projet de recherche.

L'étape suivante logique est donc de commander des lames au sein de votre projet de recherche en cliquant sur l'icône correspondant.



  Analyse de l'expression des genes	
* Date	<input type="text" value="2008/02/25"/>
* Number of microarrays	<input type="text" value="18"/>
* Platform	<input type="text" value="Nice - IPMC"/>
* Microarray type	<input type="text" value="Nice - IPMC - Human national set 25k - Nice"/>
* Hybridation date	Oui <input checked="" type="checkbox"/>

Plate-formes disponibles :

Nice - IPMC
Evry - CEA
Strasbourg - IGBMC
Nice - INRA

Type de lames disponibles :

Nice - IPMC - Affymetrix-HuGene-1_0-st-v1
Nice - IPMC - Affymetrix-Mapping250k_Nsp
Nice - IPMC - Affymetrix-Mapping250k_Sty
Nice - IPMC - Affymetrix-MoGene-1_0-st-v1
Nice - IPMC - Affymetrix-U133Plus2.0
Nice - IPMC - Affymetrix-U74Av2
Nice - IPMC - Agilent-hsa-G4112F 4x44k
Nice - IPMC - Agilent-mmu-G4122F 4x44k
Nice - IPMC - Agilent-rno-G4131A
Nice - IPMC - Coxiella burnetti - 2k
Nice - IPMC - Human local 2k - v4
Nice - IPMC - Human national set 25k - Nice
Nice - IPMC - Human tiling 4x44k
Nice - IPMC - MicroRNA 1k - v4
Nice - IPMC - Mouse national set 25k - Nice
Nice - IPMC - Phalanx-HOA
Nice - IPMC - Phalanx-MOA
Nice - IPMC - Pseudomonas PCR 6k - v1
Nice - IPMC - Rat TAGC 8k

Vous devez absolument renseigner 4 informations sur cette interface de commande :

- **le nombre**
- **le type de lames**
- **la plate-forme** souhaitée.

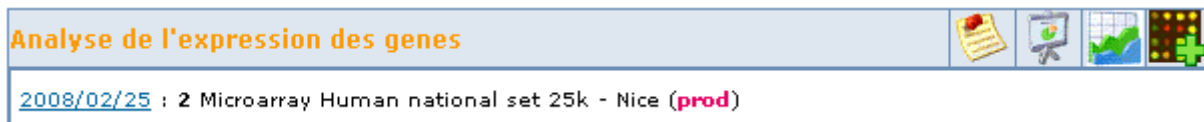
De plus vous devez cocher la case hybridation si vous souhaitez que la plate-forme hybride vos lames.

Au niveau de la commande de lames, nous vous conseillons même si vous êtes aguerris dans la pratique des puces à ADN de prendre contact avec le responsable de la plate-forme qui produira vos lames afin de discuter du plan expérimental de votre projet.

Voici la liste des contacts suivant les plate-formes :

- Nice-Sophia-Antipolis : Pascal Barbry (barbry@ipmc.cnrs.fr),
- Evry CEA : Franck Amiot (franck.amiot@cea.fr),
- Strasbourg IGBMC : Bernard Jost (jost@titus.u-strasbg.fr).

Lorsque vous validez ce formulaire, un e-mail de confirmation vous est envoyé automatiquement pour confirmer votre commande. Votre commande rentre dans un processus informatique suivi au jour le jour par l'ensemble des personnels des plate-formes afin de répondre le plus rapidement possible à votre demande. Des e-mails sont envoyés à chaque étape de ce processus afin de vous tenir au courant de l'évolution de votre commande.





Le statut de votre commande est visible entre parenthèse juste à côté de la description de votre commande.


Voici un descriptif rapide de ces statuts :

- **wait** : en attente d'acceptation de production des lames par la PF,
- **devis** : en attente de la réception du devis signé par vos soins,
- **sample** : en attente de réception de vos ARNs,
- **prod** : en attente de production des lames par la PF,
- **hybrid** : en attente de l'hybridation de vos lames par la PF,
- **biostats** : en attente de la validation des analyses statistiques,
- **send** : en attente de paiement et de clôture,
- **close** : commande clôturée.

Une fois que des lames sont attribuées par la plate-forme, il faut renseigner les hybridations en terme d'annotations des échantillons hybridés et en terme de résultats d'hybridation.

Dans le cas présent, si vous avez demandé que l'hybridation soit effectuée sur la plate-forme, vous vous retrouver avec votre projet se présentant ainsi :

Analyse de l'expression des gènes					
2005/03/29 : 2 Lames Human national set 25k - Nice (close)					
Code barre	Channel(s)		MIAME	Résultats	Actif
00021181 	P2	control	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
00021268 	control	P2	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>

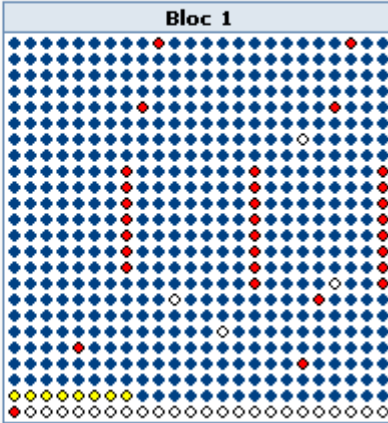
Si vous n'avez pas demandé l'hybridation, vous recevrez vos lames par courrier et procéder à leur hybridation dans votre laboratoire. Vous avez la possibilité de récupérer le fichier nécessaire à la quantification de vos lames : le fichier .GAL avec l'icône () situé immédiatement à droite de chaque code barre des lames qui vous ont été attribuées. En cliquant sur cet icône vous ouvrez une fenêtre popup qui vous donne le pattern virtuel de spotting par bloc :

Download spotting annotation file

384x72_29_11_04.gal

Pattern			
<u>1</u>	2	3	4
5	6	7	8
9	10	11	12
13	14	15	16
17	18	19	20
21	22	23	24
25	26	27	28
29	30	31	32
33	34	35	36
37	38	39	40
41	42	43	44
45	46	47	48

Gene list



Vous voyez ici le pattern de dépôt du bloc 1 de la lame qui contient 48 blocs dans le cas des lames pan-génomiques. Vous avez la possibilité de récupérer le fichier .GAL et de rechercher des gènes à travers le pattern virtuel.

En récupérant le fichier .GAL, vous avez maintenant la possibilité de quantifier vos lames sous un logiciel de quantification tel que GenePix Pro6.0 (utilisé sur la plate-forme de Nice). Une fois la quantification effectuée, vous pouvez

renseigner la partie « résultats » de la collecte d'information concernant vos lames en cliquant sur le lien « load » de la lame concernée.

Vous arrivez ensuite sur l'interface de chargement des résultats :

	Renseignement d'une hybridation pour la lame reference 13012200
---	--

<input type="radio"/> Hybridation une couleur
<input type="radio"/> Hybridation deux couleurs

Valider

Vous devez sélectionner le type d'hybridation effectué : 1 couleur ou 2 couleurs.

	Renseignement d'une hybridation pour la lame reference 13012200
---	--

★ Lame	13012200
★ Date du scan	<input type="text" value="2008/02/25"/>
★ Référence du scan	<input type="text"/>

Labelings MIAME information				
★ Channel 1	TYPE	<input type="text" value="Cy3"/>	REF <input type="text"/>	PMT <input type="text" value="100%"/>
★ Channel 2	TYPE	<input type="text" value="Cy5"/>	REF <input type="text"/>	PMT <input type="text" value="100%"/>

Fichiers images	
★ Image Channel 1 - tiff	<input type="text"/> <input type="button" value="Browse..."/>
★ Image Channel 1 - tiff	<input type="text"/> <input type="button" value="Browse..."/>
Ou un seul fichier image .tiff	
★ Image - tiff	<input type="text"/> <input type="button" value="Browse..."/>

Results	
★ Résultats Genepix - gpr	<input type="text"/> <input type="button" value="Browse..."/>
Settings Genepix - gps	<input type="text"/> <input type="button" value="Browse..."/>

★ champs obligatoires

Valider

L'application vous demande ensuite de remplir ce formulaire contenant des données extrêmement importantes concernant votre expérimentation :

- les dye utilisés : Cy3, Cy5, ou autre,
- les références des échantillons hybridés (conditions expérimentales),
- les fichiers images .Tiff, soit une image contenant les 2 channels, soit 1 image par channel suivant votre logiciel de quantification,
- le fichier de quantification .GPR issus de GenePixPro
- le fichier .GPS de settings genePix (optionnel).

Veillez à bien renseigner l'ensemble des ces informations pour compléter cette collecte d'informations concernant les résultats d'hybridation.

Pour compléter la collecte d'informations concernant une lame, vous allez maintenant devoir renseigner la partie concernant les protocoles expérimentaux utilisés pour l'hybridation des lames ainsi que des informations concernant les échantillons hybridés : il s'agit de la partie « **MIAME** » de la lame. MIAME (*Minimum Information Concerning Microarray Experiment*) est une norme définie pour collecter toutes les informations permettant de reproduire l'expérimentation. Il s'agit d'informations cruciales pour la sauvegarde de votre expérience. Ces données seront nécessaires pour la publication de vos résultats dans les bases de données publiques telle que GEO.

Renseignement de l'hybridation de la lame : 13012200	
* Date hybridation	<input type="text" value="2006/01/04"/>
* Protocol hybridation	<input type="text" value="Agilent"/>
* Température (°C)	<input type="text" value="60"/>
* Temps (heure)	<input type="text" value="16"/>
* Quantité Hyb. (ng)	<input type="text" value="45.0"/>
Commentaire	<input type="text" value="comments"/>

Labelings
Ajouter un marquage à cette hybridation

Vous devez dans un premier temps renseigner les données concernant le processus d'hybridation de votre lame.

Ensuite vous allez ajouter des marquages à ces informations concernant la provenance et les traitements effectuées avant obtention des ARNs que vous avez hybridés sur votre lame en Cy3 et en Cy5 (ou autres dyes).

Pour chaque marquage, vous allez devoir renseigner le formulaire de la page suivante afin de valider un marquage sur la lame que vous êtes en train de renseigner. Ces informations se séparent en 4 catégories liées les unes aux autres :

- **sujet** : il s'agit d'un patient ou d'une culture cellulaire par exemple,
- **échantillon** : il s'agit d'une partie du sujet, un tissu par exemple,
- **extraction** : il s'agit de l'extraction d'ARN effectué sur l'échantillon,
- **marquage** : il s'agit du marquage effectué sur cette extraction d'ARN.

Toutes ces informations sont extrêmement importantes pour la bonne sauvegarde de votre expérimentation.

Nous vous conseillons, si vous ne connaissez pas le domaine des puces à ADN, de vous renseigner sur MIAME et ses implications dans le domaine de la sauvegarde des informations issus des expérimentations des puces à ADN :

<http://www.mged.org/Workgroups/MIAME/miame.html>

Renseignement de l'hybridation de la lame : 13012200	
Marquage	
* Référence marquage	<input type="text"/>
* Date du marquage	<input type="text" value="2008/02/25"/>
* Type du labeling	<input type="text" value="Cy3"/>
* Marquage	<input type="text" value="indirect"/>
* Protocol marquage	<input type="text" value="Affy-FS450-0001"/>
* Quantité in (µg)	<input type="text"/>
Quantité out (µg)	<input type="text"/>
Quantité Cy (pmol)	<input type="text"/>
Extraction	
* Référence extraction	<input type="text"/>
* Date de l'extraction	<input type="text" value="2008/02/25"/>
* Type d'acid nucléique	<input type="text" value="ARNm"/>
* Protocol d'extraction	<input type="text" value="Chomzynski"/>
Quantité dispo. (µg) avant ampli.	<input type="text"/>
Concentration (ng/µl) avant ampli.	<input type="text"/>
Type d'amplification	<input type="text" value="Affy-Exons"/>
Quantité dispo. (µg) après ampli.	<input type="text"/>
Concentration (ng/µl) après ampli.	<input type="text"/>
Echantillon	
* Référence échantillon	<input type="text"/>
* Date échantillon	<input type="text" value="2008/02/25"/>
* Tissue	<input type="text"/>
Sujet	
* Référence sujet	<input type="text"/>
* Date du sujet	<input type="text" value="2008/02/25"/>
* Organisme	<input type="text" value="human"/>
Origine	<input type="text"/>
Type cell.	<input type="text"/>
Stage dvt.	<input type="text"/>
Genotype	<input type="text"/>
Symtômes	<input type="text"/>

Valider

Dans le cas où vous avez demandé les hybridations sur la plate-forme, vous allez avoir accès à un nouvel icône concernant votre projet de recherche :



Cet icône permet de visualiser et de récupérer les analyses bio-statistiques effectuées sur la plate-forme pour votre projet de recherche. Ces analyses se composent de 2 types d'informations :

- les fichiers normalisés de vos lames,
- les fichiers et les images des différentes « Top Table » de gènes différentiellement exprimés suivant vos différentes conditions expérimentales.

Une fois la collecte d'informations effectuée pour vos lames, vous allez avoir accès à l'interface d'analyse de **Mediante**, appelée par ailleurs « **Image manager** » (cf. *Image Manager*).

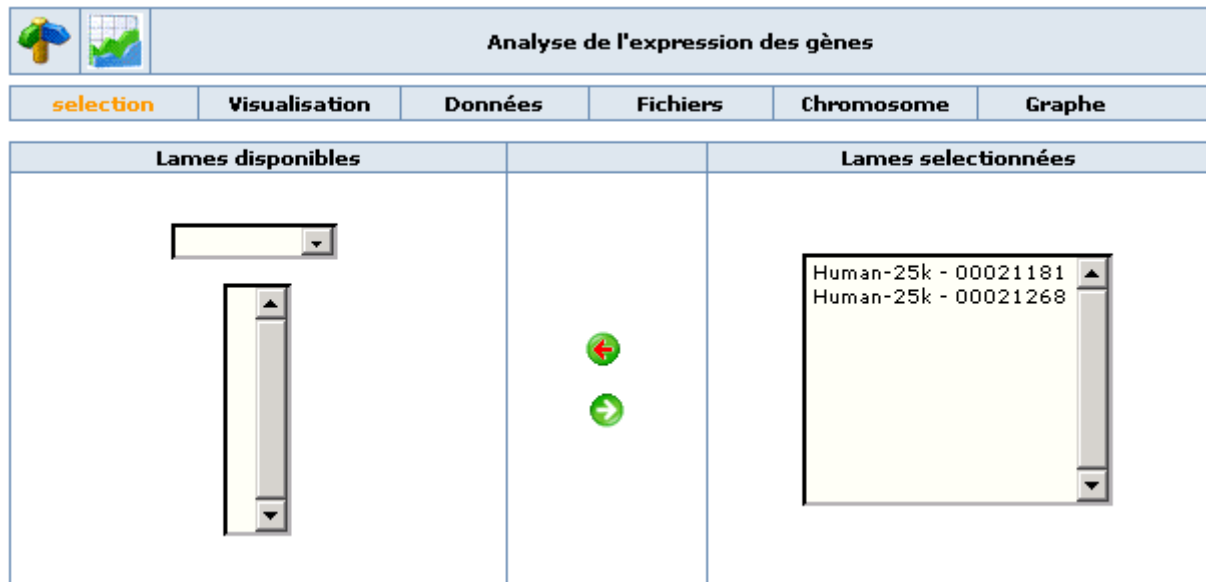


Analyse de l'expression des genes     

[2008/02/25](#) : 2 Lames Human national set 25k - Nice ([close](#))

Interface d'analyse des lames (« *Image manager* »)

Vous arrivez sur la page de sélection des lames. Cette page permet de sélectionner les lames que vous allez ensuite visualiser de manière interactive. **Nous vous conseillons de ne pas sélectionner plus de 6 lames** afin de garder au logiciel l'ensemble de son potentiel de rapidité et d'efficacité d'analyse.



Avant toute chose, vous devez sélectionner au moins une lame afin de débloquent les liens du menu de cette interface. Vous avez la possibilité à l'aide de la « select box » dans la partie des lames disponibles de trier les lames en fonction des conditions expérimentales des références de dye entrés dans la partie « **résultats** » de la collecte d'informations.

Une fois au moins une lame sélectionnée, vous avez accès à l'ensemble du menu :

- **Visualisation** : permet de visualiser les spots sur les lames sélectionnées,
- **Données** : permet de charger des données brutes sur un set de gènes,
- **Fichiers** : permet le téléchargement de fichiers pour externaliser vos données vers d'autres logiciels d'analyse et de soumission aux bases de données publiques,
- **Chromosome** : permet la visualisation de la position chromosomique d'un set de gènes,
- **Graphe** : permet de générer des graphes à partir des données brutes et normalisées.

Visualisation des spots :

Analyse de l'expression des gènes

selection	Visualisation	Données	Fichiers	Chromosome	Graphe
-----------	---------------	---------	----------	------------	--------

Lames	00021181	00021268
Microarray type	Human-25k	Human-25k
Marquage(s)	P2 vs control	control vs P2

Bloc

Pas de bloc
 Couleur
 Composite
 Liste des gènes

AQP5
 IL1B
 IL1RN
 IL8
 IL8RB

Gene Ontology

 Listes de gènes

 Panier de gènes

 MiRNA gènes target

	00021181	00021268
aqp5		
il1b		
il1rn		
il8		
il8rb		

Panier

5 gene(s)

[Reset](#)

[Ajouter tous](#)

Bloc	39
Row	7
Col	18
ID	90008
Name	il8
Ch1	4521
Ch2	2854
Log Ratio	-0.645
Average	
Log Ratio	-0.645
Flag	

Cette interface se compose de 3 parties importantes :

- **partie gauche** : formulaire d'interrogation des spots à visualiser,
- **partie du milieu** : image générée par votre requête,
- **partie de droite** : visualisation interactive des informations concernant les spots en visualisation.

Le formulaire d'interrogation permet de sélectionner ce que vous désirez voir : soit un bloc en entier, soit une liste de gènes sélectionnés par copier/coller de leur symbol ou de leur Id **Mediante**, soit par annotation Gene Ontology, soit par les listes de gènes créées par ailleurs (cf. *listes de gènes*). Une nouvelle option permet également de visualiser les gènes targets des microARNs définis par le logiciel du Sanger (**miRanda**). Dans la dernière « select box » de la partie gauche vous avez le choix entre l'ensemble des microARNs stockés sur **Mediante** afin de définir un set de gènes à visualiser. Vous pouvez regarder les images soit en channel rouge, soit vert soit en image composite.

La partie centrale permet de voir les spots et d'estimer ainsi la crédibilité des informations issues de l'analyse statistique. Vous pouvez par exemple détecter des spots qui ne sont en réalité qu'une tache sur la lame et qui pourtant sont ressortie à l'analyse statistique.

La partie de droite de l'interface permet en baladant la souris sur l'image de récupérer des informations sur les données brutes et normalisées des spots. Cette partie permet également de manager un « **panier de gènes** » que vous pourrez sauvegarder en base et utiliser dans les autres parties de l'interface d'analyse **Mediante**. Cette partie de la page permet donc de visualiser des informations concernant les spots que vous êtes en train de visualiser dans la partie centrale. Le bouton de sauvegarde permet de sauvegarder en base la « **panier de gènes** » courant afin d'y avoir accès lors d'une prochaine visite sur le site **Mediante**.

Télécharger des données :

 		Analyse de l'expression des gènes			
selection	Visualisation	Données	Fichiers	Chromosome	Graphe

Cette interface vous permet de télécharger les données des gènes présents dans votre panier de gènes. Vous devez sélectionner les colonnes des fichiers de quantification ainsi que les lames qui vous intéressent. La génération automatique d'un fichier tabulé se fera si vous avez des gènes dans votre panier de gènes.

Nombre de gènes présent dans votre panier de gènes : 5

Sélection de colonnes		sélection des lames		
Bloc	<input checked="" type="checkbox"/>	Tout sélectionner		<input checked="" type="checkbox"/>
Row	<input checked="" type="checkbox"/>	Human-25k - 00021181	 P2 vs control	<input checked="" type="checkbox"/>
Colonne	<input checked="" type="checkbox"/>	Human-25k - 00021268	 control vs P2	<input checked="" type="checkbox"/>
Symbol	<input checked="" type="checkbox"/>			
Oligo id	<input checked="" type="checkbox"/>			
Channel 1 Median	<input checked="" type="checkbox"/>			
Channel 1 BF	<input type="checkbox"/>			
Channel 2 Median	<input checked="" type="checkbox"/>			
Channel 2 BF	<input type="checkbox"/>			
Ratio	<input checked="" type="checkbox"/>			
Flag	<input type="checkbox"/>			

Valider



Cet onglet permet le téléchargement de données issues des fichiers de quantifications concernant les gènes du « **panier de gènes** » courant. Vous avez la possibilité de sélectionner les lames et les colonnes qui vous intéressent afin de télécharger un fichier au format tabulé ouvrable sous Excel.

Dans le cas où vous n'avez pas de gènes dans votre « **panier de gènes** » le résultat de la requête sera nul et le fichier sera donc vide.

Télécharger des fichiers pré-formatés :

Analyse de l'expression des gènes					
selection	Visualisation	Données	Fichiers	Chromosome	Graphe

Cette interface vous permet de télécharger des fichiers pré-formatés afin de transférer les données stockés dans **Mediante** vers d'autres logiciels d'analyse ou de soumission vers des bases de données publiques.

Type de fichier	sélection des lames
Fichier Limma GUI (R) <input checked="" type="radio"/>	Tout sélectionner <input checked="" type="checkbox"/>
Fichier gene Anova <input type="radio"/>	Human-25k - 00021181  P2 vs control <input checked="" type="checkbox"/>
Fichier MEV <input type="radio"/>	Human-25k - 00021268  control vs P2 <input checked="" type="checkbox"/>
Fichier GEO (.SOFT) <input type="radio"/>	
Fichier Tab2Mage-ML <input type="radio"/>	
Ingenuity pathways <input type="radio"/>	

Valider

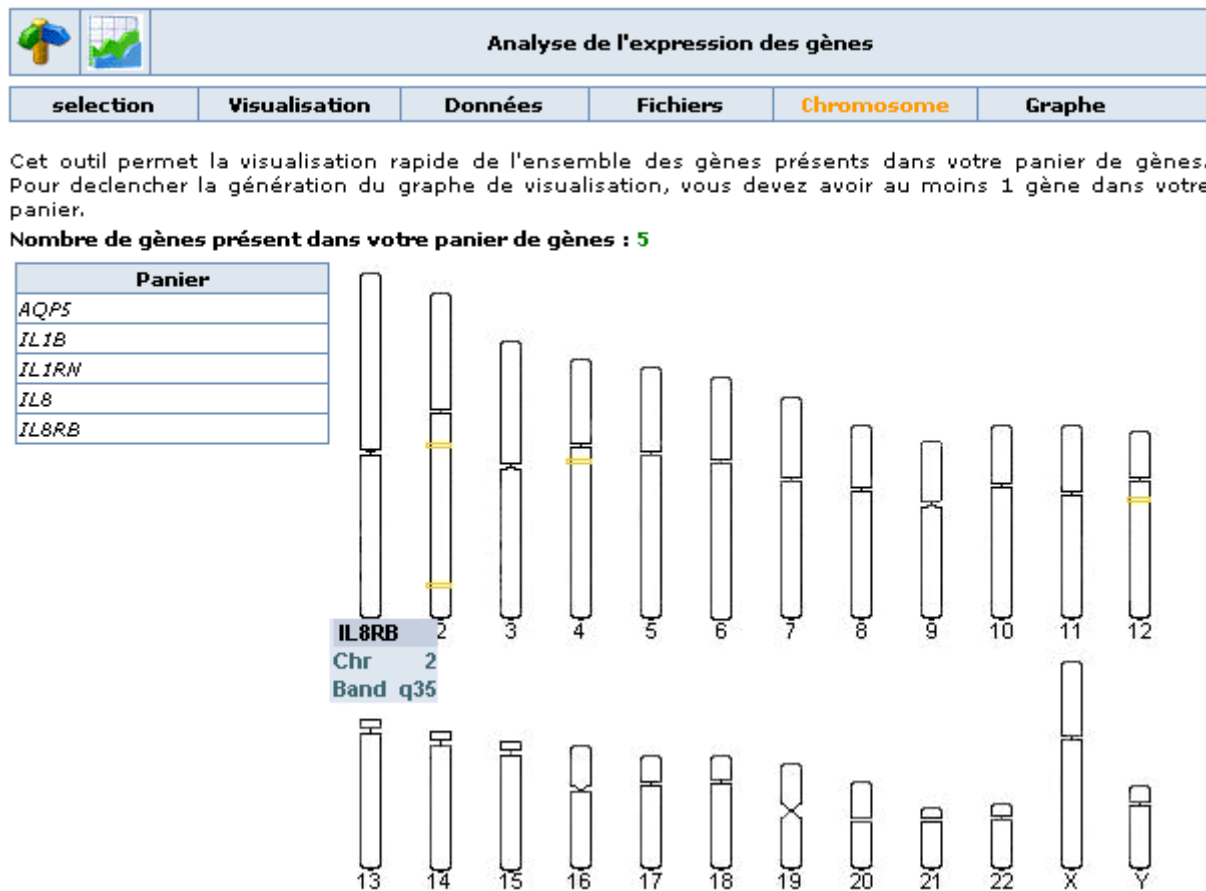
Cette partie permet de télécharger des fichiers pré-formatés permettant d'exporter vos données vers d'autres logiciels d'analyses :

- **LimmaGui** : export d'une archive contenant l'ensemble des fichiers permettant une analyse sous LimmaGui (R environnement),
- **GeneAnova** : export d'un fichier pour analyse sous GeneAnova,
- **MEV** : export d'un fichier pour analyse sous MEV,
- **GEO soft** : création d'une archive permettant la soumission de votre projet sous GEO,
- **Tab2Mage-ML** : export d'un fichier pour la soumission à ArrayExpress,
- **Ingenuity pathways** : export d'un fichier pour analyse sous Ingenuity.
N'est disponible que lorsque des top tables de gènes ont été uploadées.

Pour l'export il faut sélectionner votre format de fichier ainsi que les lames pour lesquelles vous souhaitez exporter des données.

Dans le cas de la création d'une archive permettant la soumission de votre projet à GEO (**Gene Expression Omnibus**), nous vous recommandons de faire particulièrement attention à bien avoir rempli l'ensemble des informations de la collecte d'informations des lames concernant la partie **MIAME** (cf. *Gestion des projets de recherche*). La soumission de votre projet de recherche à une base de données publiques, sera explicitement demandé au moment de la publication de vos résultats sous forme d'article. Les informations **MIAME** sont obligatoires afin de soumettre votre projet de recherche à ces bases de données publiques.


Visualisation par chromosomes :



Cette partie de l'application permet de visualiser rapidement la position chromosomique de l'ensemble des gènes du « **panier de gènes** ». Cette option vous permet de découvrir d'éventuelles parties du génome impliquées dans l'explication des conditions que vous étudiez dans votre projet de recherche.

Dans le cas où vous n'avez pas de gènes dans votre « **panier de gènes** » le résultat de la requête sera nul et le résultat également.

Génération des graphes

Analyse de l'expression des gènes							
selection	Visualisation	Données	Fichiers	Chromosome	Graphe		
Lames	M1	334651 - DMSO1 vs Cigli 10-5 1	M2	334652 - Cigli 10-6 1 vs DMSO1			
Type de graphe	- Cy3 Signal distribution						
Paramètres	Taille des points	6	B seuil	6	logFC seuil	1	 Color setup
Filtres	Top Table	No Top table	Gènes	Pas de filtre sur les gènes			

Valider

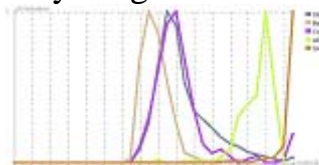
Grâce à cette partie de l' «**Image Manager**» vous allez pouvoir générer tout un ensemble de graphes vous permettant de commencer une analyse et de faire des contrôles qualités concernant les données des lames de votre projet de recherche. Le formulaire comporte plusieurs informations importantes pour la génération des graphes :

- **Microarray** : la sélection des lames à visualiser. Pour les graphes une lame, il s'agira toujours de la lames annotée **M1**,
- **Graph type** : sélection du type de graphe que vous souhaitez réaliser,
- **Parameters** : permet de modifier certains paramètres de seuil,
- **Filters** : filtres sur les points a visualiser : sur les top tables des analyses ou sur le « panier de gènes » courant.

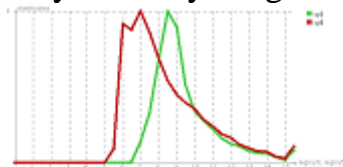
Voici les différents type de graphes que vous pouvez générer :

- Cy3 Signal distribution (**Raw data**)

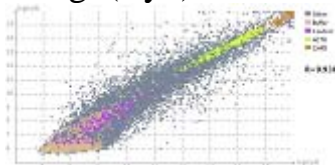
- Cy5 Signal distribution (**Raw data**)



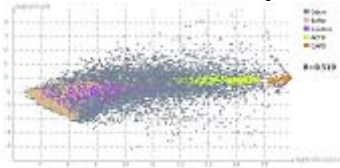
- Cy3 and Cy5 Signal distribution per feature groups (**Raw data**)



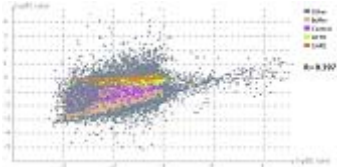
- Log2(Cy3) versus Log2(Cy5) regression Plot (**Raw data**)



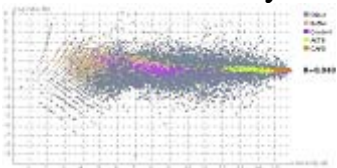
- MA Plot with Cy3 and Cy5 signals (**Raw data**)



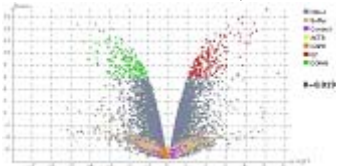
- ForeGround ratio versus Background ratio (**Raw data**)



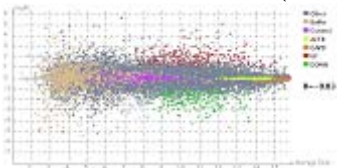
- MA Plot with Cy3 and Cy5 normalized signals (**Normalized data**)



- Volcano Plot (**Normalized data from top table**)



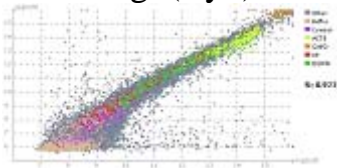
- Global MA Plot (**Normalized data from top table**)



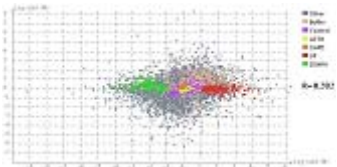
- M1-Log2(Cy3) versus M2-Log2(Cy5) regression Plot (**Raw data**)

- M1-Log2(Cy3) versus M2-Log2(Cy3) regression Plot (**Raw data**)

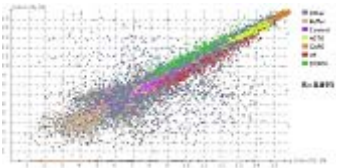
- M1-Log2(Cy5) versus M2-Log2(Cy5) regression Plot (**Raw data**)



- M1-M versus M2-M Plot (**Normalized data**)



- M1-A versus M2-A Plot (**Normalized data**)



Interface de téléchargement de fichiers d'annotations (Télécharger)

Informations concernant la base de données MEDIANTE

<i>LAST UPDATE : 17/01/2008</i>		
	human	mouse
Nombre de transcrits actifs	34.066	28.123
Nombre de transcrits avec au moins 1 oligo	33.887	27.753
Nombre d'oligos distincts sélectionnés	26.366	25.011
Télécharger les transcrits	.fas .xls	.fas .xls
Télécharger les oligos du set local	.fas .xls	-
Télécharger les oligos du set national	.fas .xls	.fas .xls
Télécharger les meilleurs oligos actuels	.fas .xls	.fas .xls
Version de la base ENSEMBL	v46.36h	v46.36h
Version de la base REFSEQ	r24 - 24/07/07	r24 - 24/07/07
Informations sur la puce microARN	download .xls file	
Oligos control des puces RNG/MRC 25k	download .xls file	

Détails des oligos sélectionnés

	human	mouse
Nombre moyen d'ESTs reconnus par oligos	78.5	43.2
Position moyenne de l'oligo par rapport au 3' du transcrit	962	695
Nombre d'oligos sans cross-hybridation à e-value=1	19.138	17.699
Nombre d'oligos sans cross-hybridation à e-value=0.1	5.987	5.955
Nombre d'oligos avec cross-hybridations à e-value=0.1	1.241	1.357

Sur cette page, vous avez la possibilité de télécharger tous les fichiers d'annotations des différentes puces produites sur les plate-formes, notamment les annotations concernant les puces ResoGen pangénomiques 25k homme et souris, soit au format FASTA soit au format Excel.

Vous avez également accès à des informations concernant le base de données **Mediante**, et plus particulièrement sur les oligonucleotides de la base de données et sur leur qualité suivant les critères définis dans notre processus de sélection des meilleurs oligonucleotides décrit dans **Le Brigand et al., NAR, 2006**.

Interface de lancement des Blasts

Interface de lancement de BLAST

Vous avez ici la possibilité de lancer des blasts directement sur les serveurs de l'IPMC de Nice Sophia-Antipolis où est hébergé **Mediante**. Vous pouvez choisir la base de données contre laquelle vous allez rechercher vos séquences sélectionnées, soit par upload d'un fichier Fasta, soit en entrant un accession number référencé dans **Mediante**, soit en faisant un copier/coller de la séquence. Les paramètres courant d'un BLAST peuvent également être modifiés.

Accès au Blast 2 séquences.

Blast Program	
Base blast	All Sanger miRNAs
Numéro d'accession	<input type="text"/>
Fichier de séquences	<input type="text"/> Browse...
Séquence(s)	<input type="text"/>
Paramètres blast	e <input type="text" value="1e-20"/> W <input type="text" value="11"/> S <input type="text" value="3"/> F <input type="text" value="F"/>

Valider

Vous pouvez lancer des Blasts directement sur les serveurs de l'IPMC contre des bases pré-formatés grâce à cette interface.

Voici les différentes bases contre lesquelles vous pouvez Blaster des séquences :

- All Sanger miRNAs
- Human Ensembl Transcripts
- Human Mediante Oligos
- Human Mediante Transcripts
- Human Refseq Transcripts
- Mouse Ensembl Transcripts
- Mouse Mediante Oligos
- Mouse Mediante Transcripts
- Mouse Refseq Transcripts
- Rat Ensembl Transcripts
- Rat Mediante Transcripts
- Rat Refseq Transcripts

Vous pouvez sélectionner vos séquences à Blaster soit en entrant un accession_number Genbank reconnu par **Mediante** soit en uploadant un fichier de séquences au format FASTA.

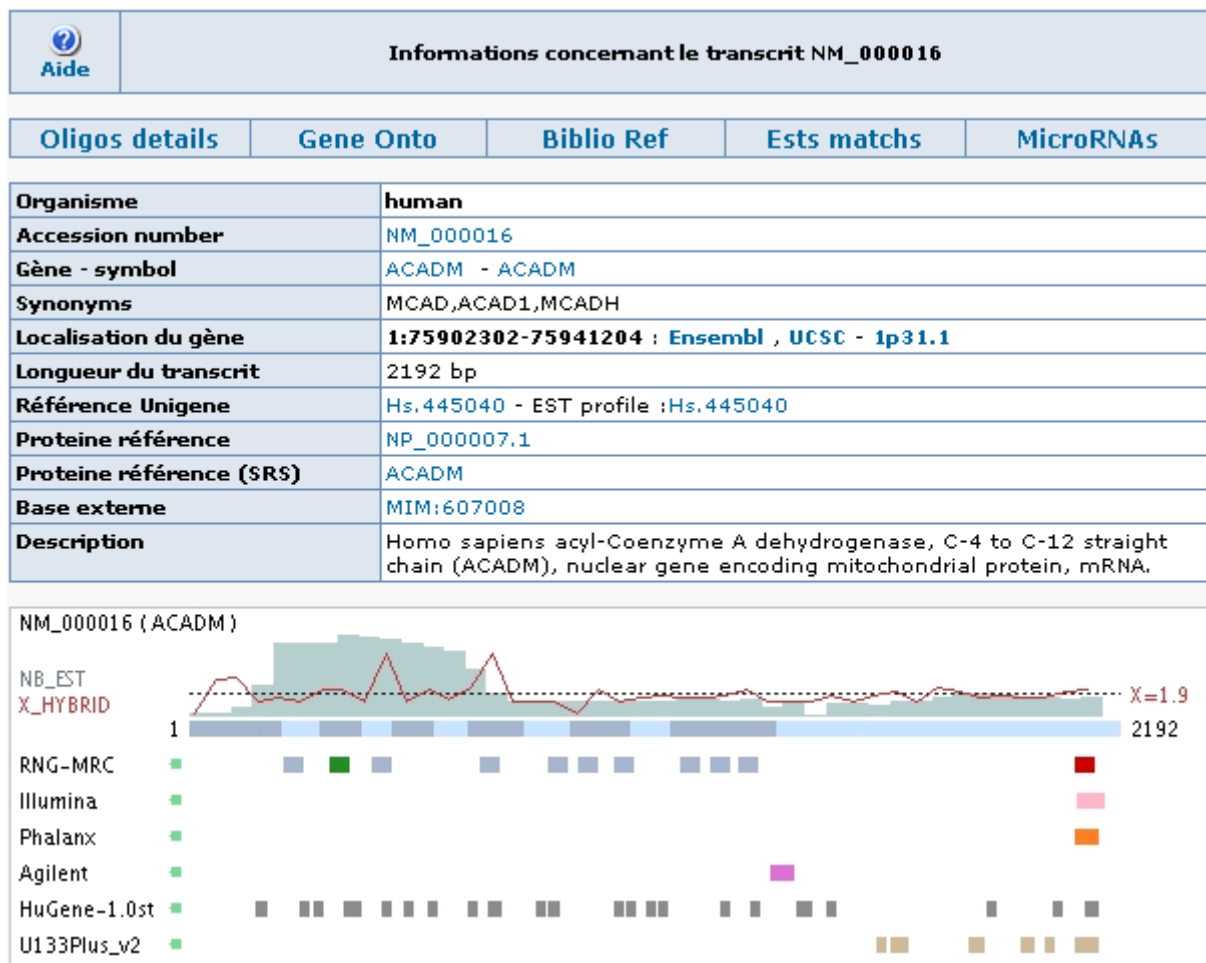
D'autres paramètres sont modifiables comme la e-value permettant de modifier la stringence du Blast, le W qui permet de modifier la longueur des mots recherchés, le S permettant de choisir les brins d'appariement (1 = brin +, 2 = brin -, 3 = les 2 brins) ainsi que le F qui masque les séquences ou non en terme de séquences répétées.

Requête	Cible	Score	E-value	Identité	Taille	Alignement
NM_000016	117707	101	5e-21	100	51	voir
	117706	101	5e-21	100	51	voir
	84669	101	5e-21	100	51	voir
	84668	101	5e-21	100	51	voir
	84667	101	5e-21	100	51	voir
	84666	101	5e-21	100	51	voir
	84665	101	5e-21	100	51	voir
	117709	101	5e-21	100	51	voir
	117708	101	5e-21	100	51	voir
	84664	101	5e-21	100	51	voir

La page de présentation des résultats d'un Blast de la séquence accession_number NM_000016 contre la base des oligonucleotides **Mediante** vous donne cette page. Vous pouvez voir l'alignement repéré, ou cliquer sur l'oligo_ID pour avoir des informations sur l'oligonucleotide qui match la séquence (cf. *Page de description des oligonucleotides*).

Page de description des gènes

Pour chaque transcrit existant dans la base de données **Mediante**, il existe une page reprenant l'ensemble des annotations présent dans la base de données concernant ce transcrit. Il existe plusieurs onglets catégorisant les différentes annotations, l'onglet principale reprend les annotations principales, avec des liens vers les bases de données publiques les plus importantes concernant les annotations des séquences biologiques, ainsi que la présentation des oligonucleotides matchant le transcrit :



Le graphe concernant les oligonucleotides matchant le transcrit permet de visualiser de manière synthétique les différentes puces commerciales permettant l'étude transcriptomique du gène représenté dans sa structure exonique. En passant la souris sur les différents oligonucleotides, vous avez des informations les concernant et en cliquant dessus, vous accédez à la page de description des oligonucleotides.

En ce qui concerne la couleur des oligonucleotides de la ligne RNG/MRC, il s'agit des oligonucleotides de la collection **Mediante** et le code couleur est différent en fonction de leur caractéristiques :

- oligonucleotide Mediante,
- meilleur oligonucleotide pour la détection du transcrit,
- oligonucleotide présent sur la puce RNG 25k,
- oligonucleotide présent sur la puce IPMC locale 2k,

La première partie de ce graphe correspond aux 2 paramètres permettant notre sélection du meilleur oligonucleotide, méthode décrite dans **Le Brigand et al., NAR, 2006** : en rouge la courbe des X_HYBRID score, et en gris les matchs NB_EST.

Ces informations sont obtenues en découpant le transcrit en pseudo-oligonucleotides de 50mers et en calculant leur paramètres X_HYBRID et NB_EST.

Le deuxième onglet de cette page permet de voir l'ensemble des annotations de la Gene Ontology associé à ce transcrit. Il n'existe ici pas la relation de filiation entre les termes de la GO mais uniquement le listing des différents termes et un lien vers le site de la Gene Ontology.

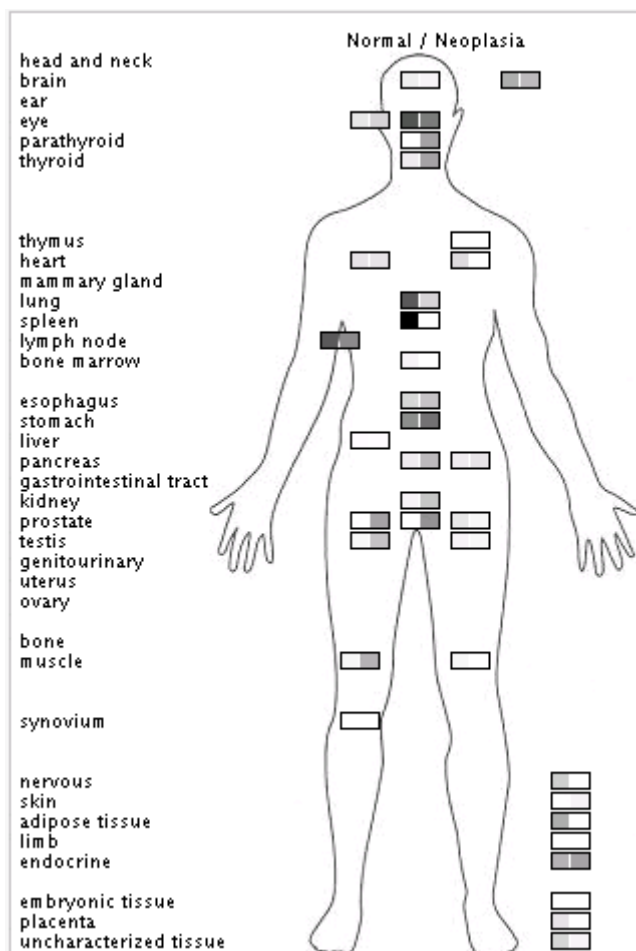
Gene Ontology	
GO:0003995	acyl-CoA dehydrogenase activity
GO:0006118	electron transport
GO:0050660	FAD binding
GO:0006635	fatty acid beta-oxidation
GO:0006631	fatty acid metabolic process
GO:0006629	lipid metabolic process
GO:0008152	metabolic process
GO:0005759	mitochondrial matrix
GO:0005739	mitochondrion

Le troisième onglet permet de visualiser les références bibliographiques associées au transcrit. Ces annotations sont directement issues du fichier Genbank. Un lien Pubmed est disponible afin d'aller rechercher cette publication sur le site Pubmed. Une autre information importante est l'annotation GeneRif permettant d'avoir en une phrase le topic général de la publication.

Protective effect of noninherited maternal HLA-DR antigens on rheumatoid arthritis development
 Feitsma,A.L., Worthington,J., van der Helm-van Mil,A.H., Plant,D., Thomson,W., Ursum,J., van Schaaardenburg,D., van der Horst-Bruinsma,I.E., van Rood,J.J., Huizinga,T.W., Toes,R.E. and de Vries,R.R.
Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. **104 (50), 19966-19970 (2007)**(18077428)
GeneRIF : HLA-DRB1 molecules containing amino acid sequence DERAA (i.e., HLA-DRB1*0103, *0402, *1102, *1103, *1301, *1302, and *1304) are associated with protection from rheumatoid arthritis in a case-control study of Dutch mothers compared to the fathers.

Enfin le dernier onglet intitulé « EST match » reprend les annotations des NB_EST des différents oligonucleotides matchant directement ce transcrit afin d'avoir une visualisation globale de l'expression de ce transcrit en fonction des tissus et de l'histologie des tissus.

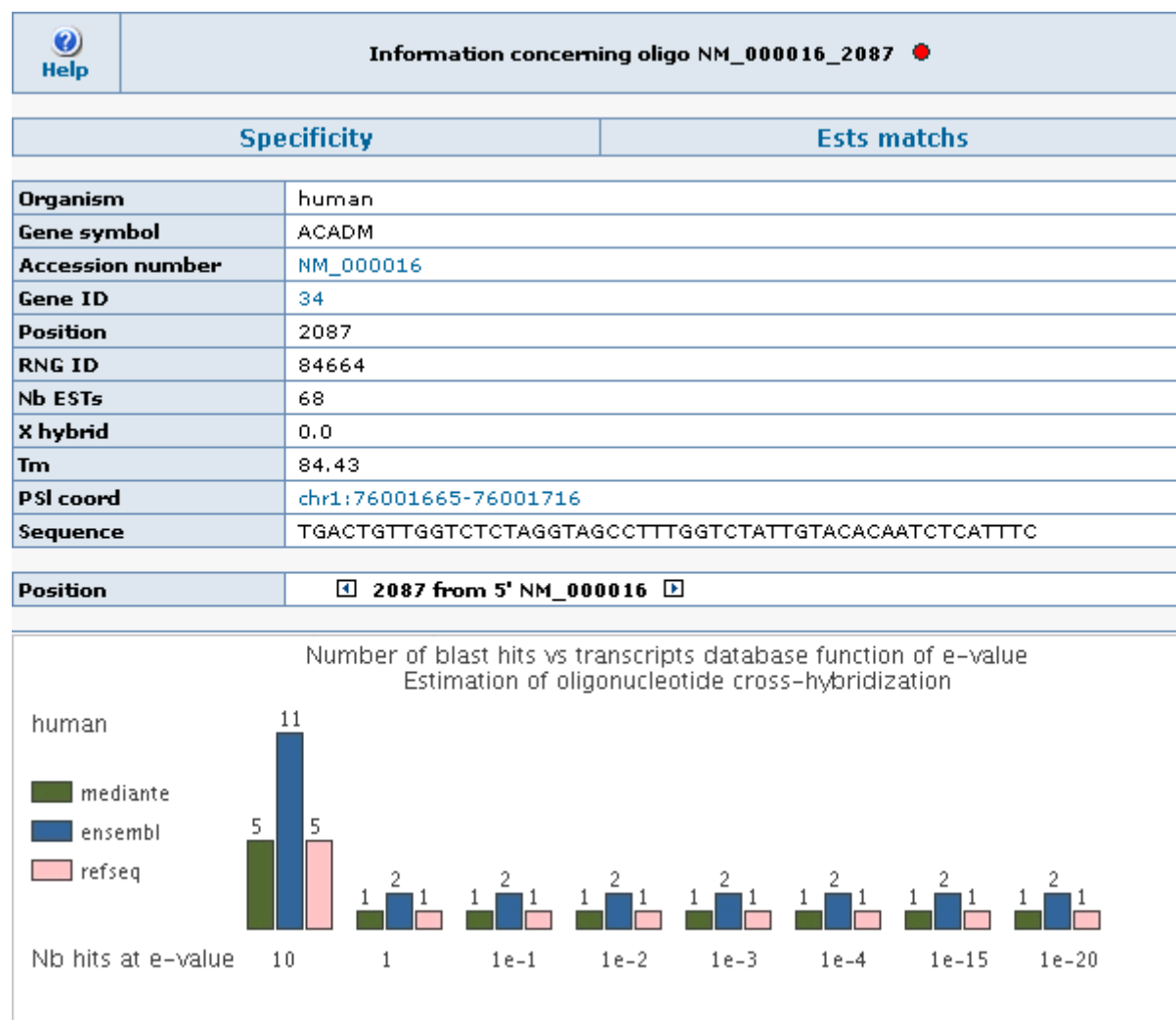
Pour chaque transcrit, un comptage des distincts ESTs matchés par les oligonucleotides spécifiques du transcrits est fait, puis en fonction des catégories de tissus dont sont issus ces ESTs on réalise ce graphe. Noter bien que l'intensité des bandes de « pseudo-expression » est fonction non seulement du nombre d'ESTs du tissu matché mais aussi de la représentativité du tissu sur le nombre d'ESTs annotés en terme de tissus. Il existe par exemple 10 fois plus d'ESTs annotés « brain » que d'ESTs annotés « stomach ». On procède donc a une normalisation des nombres d'ESTs par catégorie afin d'avoir une bonne intensité de « pseudo-expression » par tissus.



Un match EST est défini comme étant un match de plus de 95% d'identité sur la totalité du 50mer oligonucléotidique par un EST présent dans la base de données **dbESTs**.

Page de description des oligonucleotides

Pour chaque oligonucleotide **Mediante** ainsi que pour les oligonucleotides commerciaux, il existe une page de présentation. Le code couleur à droite du titre de présentation de la page reprend la couleur des oligonucleotides sur le graphe de description des oligonucleotides pour un transcrit (cf. *Page de description des gènes*).



Sur cette page vous avez accès aux caractéristiques de l'oligonucleotide ainsi qu'aux principales annotations du ou des transcrits (si variant d'épissage). La position de l'oligonucleotide est indiquée en fin d'annotation et vous pouvez en cliquant sur les flèches, parcourir les différents oligonucleotides du transcrit spécifique.

Le graphe immédiatement en dessous, vous indique la spécificité de l'oligonucleotide contre nos 3 bases de données de transcrits de références : **Ensembl**, **Refseq** et **Mediante**.

Ce graphe est le reflet des matchs Blasts de l'oligonucléotide contre ces bases de transcrits, en fonction de la stringence de l'appariement.

Les différentes catégories de stringence sont :

- 0 : e-value = 10
- 1 : e-value = 1
- 2 : e-value = 1e-1
- 3 : e-value = 1e-2
- 4 : e-value = 1e-3
- 5 : e-value = 1e-4
- 6 : e-value = 1e-15
- 7 : e-value = 1e-20

Ce graphe permet très visuellement de comprendre l'évolution des cross-hybridations de l'oligonucléotide au sein de ces bases de données. Un oligonucléotide matchant un transcrit avec une e-value de 1e-20 correspond à un match parfait, si cet oligonucléotide match un autre transcrit à une e-value de 1e-4 alors il y a détection d'une cross-hybridation de cet oligonucléotide dans la base de données pour un match de 25 bases de manière parfaite.

C'est à l'aide de ce graphe que le système **Mediante** définit la valeur de spécificité de l'oligonucléotide notée X_HYBRID (cf. **Le Brigand et al., NAR , 2006**).


Le second onglet de la page de description des oligonucléotides reprend les matchs ESTs de cet oligonucléotides au sein de **dbESTs** (cf. *Page de description des gènes*). Un match EST est défini comme étant un match de plus de 95% d'identité sur la totalité du 50mer oligonucléotidique par un EST présent dans la base de données **dbESTs**.

Page de description des microARNs

Pour des raisons de stockage de l'information en base de données, les microARNs sont associés à la catégorie des **Oligo_adhoc**, avec les oligonucleotides PCR et d'autres projets.

La recherche des microARNs peut se faire dans la partie « Recherche » de Mediante en tapant la référence Sanger dans la boîte de recherche :

Exemple : mir-155


 **Recherche des séquences d'intérêts**

Organisme	human <input type="button" value="v"/>
Rechercher	MicroRNA accession (mir-155%hsa) <input type="button" value="v"/>
Fichier	<input type="text"/> <input type="button" value="Browse..."/>
Requête	MIR-155 <input type="button" value="v"/>

Nombre de résultats : 4	⏪ ⏩ ⏴ ⏵ page 1/1 ⏴ ⏵ ⏴ ⏵
Reference	Microarray Project
mir-155[xtr,dre,gga]	MicroRNA 1k - v1
mir-155[mmu]	MicroRNA 1k - v1
mir-155[hsa]	MicroRNA 1k - v1
mir-155*[hsa]	MicroRNA 1k - v1

Les résultats de la requête renvoient un listing des sondes désignées pour l'étude de l'expression des microARNs trouvées par la requête. Il n'est pas nécessaire d'entrer l'espèce pour cette recherche.

En cliquant sur un résultat, vous accédez à la page de présentation de la sonde avec le listing des microARNs matures matchés par la sonde. Les microARNs étant extrêmement conservés à travers les espèces, il n'est pas rare d'avoir plusieurs matures matchés par la même sonde.

 Informations concernant l'oligo adhoc mir-155[hsa]	
<i>Homo sapiens miR-155 stem-loop</i> <i>Predicted targets</i>	
Mature name	hsa-miR-155
Mature ID	MIMAT0000646
Pre-Mir accession	MI0000681
Pre-Mir ID	hsa-mir-155
IPMC microcible	IPMC targets Infos
Pre-Mir Context	OTTHUMT00000171187, strand=+ ,type=exon
Pre-Mir Chromosome	21:25868163-25868227(strand=+)
<p>"Identification of tissue-specific microRNAs from mouse" Lagos-Quintana M, Rauhut R, Yalcin A, Meyer J, Lendeckel W, Tuschl T <i>Curr Biol.</i> 12:735-739(2002).(12007417)</p> <p>"Altered expression profiles of microRNAs during TPA-induced differentiation of HL-60 cells" Kasashima K, Nakamura Y, Kozu T <i>Biochem Biophys Res Commun.</i> 322:403-410(2004).(15325244)</p> <p>"New human and mouse microRNA genes found by homology search" Weber MJ <i>FEBS J.</i> 272:59-73(2005).(15634332)</p> <p>"Accumulation of miR-155 and BIC RNA in human B cell lymphomas" Eis PS, Tam W, Sun L, Chadburn A, Li Z, Gomez MF, Lund E, Dahlberg JE <i>Proc Natl Acad Sci U S A.</i> 102:3627-3632(2005).(15738415)</p> <p>"A mammalian microRNA expression atlas based on small RNA library sequencing" Landgraf P, Rusu M, Sheridan R, Sewer A, Iovino N, Aravin A, Pfeffer S, Rice A, Kamphorst AO, Landthaler M, Lin C, Socci ND, Hermida L, Fulci V, Chiaretti S, Foa R, Schliwka J, Fuchs U, Novosel A, Muller RU, Schermer B, Bissels U, Inman J, Phan Q, Chien M <i>Cell.</i> 129:1401-1414(2007).(17604727)</p> <p>"Patterns of known and novel small RNAs in human cervical cancer" Lui WO, Pourmand N, Patterson BK, Fire A <i>Cancer Res.</i> 67:6031-6043(2007).(17616659)</p>	
Séquence : ACCCCTATCACGATTAGCATTAA	

En cliquant sur le lien « predicted targets » d'un microARN mature, vous accédez à la page de présentation du microARN mature.

 Aide	Informations concernant le microRNA mature hsa-miR-155
--	---

Homo sapiens miR-155 stem-loop	
Nom du mature	hsa-miR-155
Id du mature	MIMAT0000646
Accession du pre-Mir	MI0000681
Id du pre-Mir	hsa-mir-155
Context du pre-Mir	OTTHUMT00000171187, strand=+,type=exon
Chromosome du pre-Mir	21:25868163-25868227(strand=+)

Logiciel de prédiction des targets du microRNA : MicroCible-1to8

Gene Ontologie (Fold > 2 and Nb > 3)				
Fold	Nb	Go Accession	GO	Terme GO
6.31	18	GO:0007156	P	homophilic cell adhesion
4.77	6	GO:0043123	P	positive regulation of I-kappaB kinase/NF-kappaB cascade
4.15	4	GO:0019221	P	cytokine and chemokine mediated signaling pathway
3.61	5	GO:0006821	P	chloride transport
3.48	8	GO:0003702	F	RNA polymerase II transcription factor activity
3.41	10	GO:0006366	P	transcription from RNA polymerase II promoter
3.4	21	GO:0007399	P	nervous system development
3.32	6	GO:0008134	F	transcription factor binding
3.13	6	GO:0016567	P	protein ubiquitination

Liste des gène targets : limite = 20, total = 539		
Symbol	Transcrit	P-value
YOD1	NM_018566	0.0
BACH1	NM_206866	0.0
RAB11FIP2	NM_014904	0.0
HMP19	NM_015980	0.0
S100PBP	NM_022753	0.0
MAP3K7IP2	NM_015093	0.0
FGL2	NM_006682	0.0


Cette page reprends la plupart des infos présent sur la page précédente mais il existe de nouvelles annotations directement issues des informations données par les différents logiciel de prédiction de targets de ce microARN. Vous avez le choix entre plusieurs logiciels de prédiction :

MiRanda TargetScan-4way PicTar-4way rna22 MicroCible-1to8
--

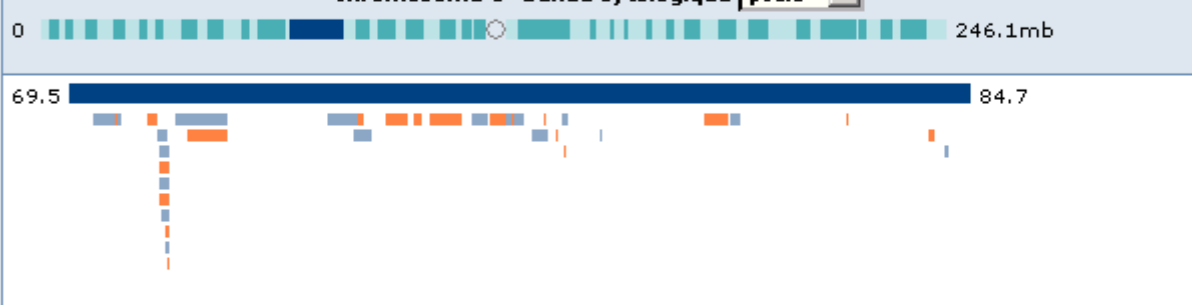
Page de description des chromosomes

Page d'exploration des chromosomes

human



Chromosome 1 Bande cytologique p31.1



Accession	Symbol	Description
AF147403	#NA	Homo sapiens full length insert cDNA clone YO02C07.
NM_020794	LRRC7	Homo sapiens leucine rich repeat containing 7 (LRRC7), mRNA.
NM_006222	PIN1L	Homo sapiens protein (peptidyl-prolyl cis/trans isomerase) NIMA-interacting 1-like (PIN1L), mRNA.
BC037323	#NA	Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5261489.
NM_017768	LRRC40	Homo sapiens leucine rich repeat containing 40 (LRRC40), mRNA.
NM_004768	SFRS11	Homo sapiens splicing factor, arginine/serine-rich 11 (SFRS11), mRNA.
NM_030816	ANKRD13C	Homo sapiens ankyrin repeat domain 13C (ANKRD13C), mRNA.
NM_001036645	HHLA3	Homo sapiens HERV-H LTR-associating 3 (HHLA3), transcript variant 3, mRNA.

Cette page est accessible soit par l'interface de recherche, soit en cliquant sur la page de description des gènes sur la bande cytologique indiquée au niveau de la position chromosomique du transcrit.

Cette interface permet de parcourir très facilement les génomes des espèces représentées dans la base de données **Mediante** (homme, souris et rat). Après avoir choisie une espèce, vous pouvez sélectionner un chromosome puis une bande chromosomique particulière afin d'obtenir un agrandissement de la bande et de voir le listing des transcrits présents sur cette bande cytologique. Vous pouvez facilement ensuite vous rediriger sur la page de description des transcrits (cf. *Page de description des gènes*).