

Au sommaire :

- Actualités Gestion de Données.
- Analyse des images : quantifier les microstructures.
- Actualités autres applications

Pleins feux :

- **Les solutions de sauvegarde à notre disposition dans les unités de recherche**
- **Des outils de traitement des données omiques**

Contact :
support-plastic@grignon.inra.fr

Site web :
<http://www.pfi-cepia.inra.fr/>

Editorial

La lettre d'information de la plateforme PLASTIC du département CEPIA

Avec la rentrée vous trouverez dans cette lettre des indications qu'on espère utiles sur les possibilités de sauvegarde qui sont offertes aux unités de recherche, il y a en effet de quoi si perdre sans un petit topo explicatif !! Cette lettre donne aussi un aperçu des nouveautés offertes par PLASTIC en analyse d'images et décrit deux exemples d'applications qui ont été développées pour faciliter la tâche des chercheurs qui traitent des données omiques.

Contactez nous pour toutes précisions sur les articles de cette lettre, ou tout besoin en matière de gestion de données, de développement d'applications : support-plastic@grignon.inra.fr

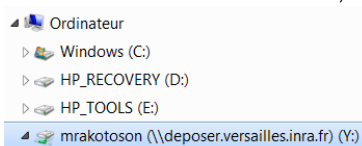
Bonne rentrée et bonne lecture !!!

Actualités Gestion de Données

Nous proposons dans ce numéro une synthèse des offres de stockage de données proposées aussi bien par l'institut que par la plateforme PLASTIC pour les agents et les équipes d'unité. Elles sont alignées sur les besoins qui peuvent être de nature individuelle ou collaborative. De plus, elles sont gratuites pour un stockage de taille pouvant aller jusqu'à 30Go et deviennent payantes pour des besoins de grand volume dont la grille tarifaire est explicitée dans la rubrique « [Stockage à la demande](#) ».

Dans la catégorie stockage individuel, tout agent INRA ayant son login LDAP national valide est bénéficiaire. On y trouve 3 possibilités :

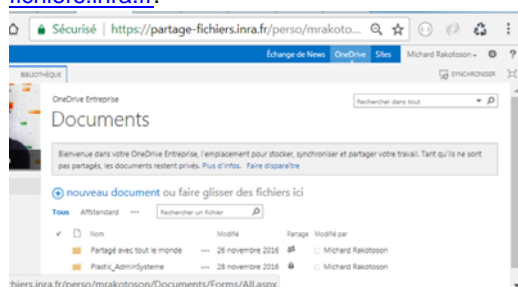
- **Stockage de centre pour les unités** : sa mise en place se réalise à l'aide des PRI d'unité pour connexion à un lecteur réseau. Et au final, il se présente comme un volume disque de votre poste



RMQ : Pour un accès hors réseau INRA, un client VPN est nécessaire (Voir une [documentation d'installation](#))

de travail.

- **Stockage OneDrive** : le projet INRA Mercure fait bénéficier à chaque agent référencé au niveau du serveur LDAP national un stockage individuel. Ce dernier est accessible via le lien <https://partage-fichiers.inra.fr>.

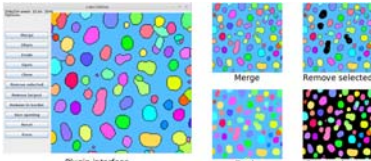


Pour plus d'information sur ce type de stockage voir [espace individuel](#) de Mercure

- **Stockage à la demande** : une réponse aux besoins individuels de stockage de données de l'ordre du To et plus. Elle peut être également une alternative aux baies de stockage (NAS) des plateformes permettant de s'affranchir des problèmes matériel et de maintenance interne. Pour plus de détails, voir la [rubrique concernée](#) sur ariane <http://ariane.inra.fr/> ou nous contacter.
- **Dans la catégorie stockage collaboratif** qui est plus adapté aux données issues de travail de groupes autour d'un sujet (contrats, projets, thèse, ..). Ces espaces sont gratuits et s'acquièrent par une simple demande.
- **stockage de documents sur Sharepoint** : proposé par le projet INRA Mercure, cette offre impose une contrainte à chaque contributeur au travail de groupe d'avoir un compte LDAP national valide. Elle convient plus à un groupe homogène INRA. Pour toute information, voir rubrique « [Mercure – Espace collectifs](#) » sur <http://ariane.inra.fr/>.
- **stockage de documents sur Nuxeo** : proposé par l'équipe PLASTIC, cette offre se distingue par la désignation d'un responsable qui a la charge de créer les comptes d'accès des membres de groupe. De fait, elle convient à un groupe hétérogène comme souvent le cas dans les UMR ou collaboration avec des partenaires non INRA, étrangers. Pour toute demande de création d'[espace collaboratif NUXEO](#), contacter : support-plastic@inra.fr
- **Stockage à la demande** : possible également pour le collaboratif.



Analyse de la variabilité des angles de division dans des files cellulaires. Application à des images de racines observées en microscopie confocale.



De nouveaux outils d'édition semi-interactive de carte de labels sont maintenant disponibles dans la bibliothèque MorphoLibJ

L'analyse d'images pour les plantes

Dans le cadre d'une collaboration avec l'IJPB à Versailles, une méthode originale pour quantifier les angles de division dans des files cellulaires a été développée et mise en œuvre sur des images de coupes de racines. La méthode se base sur une segmentation des cellules, l'identification des files, et la quantification des angles relatifs à l'axe médian de la file. L'examen des données a pu mettre en évidence une augmentation de la variabilité en présence d'une mutation particulière [1].

La bibliothèque **MorphoLibJ** a bénéficié d'une mise à jour importante, qui corrige quelques bugs mineurs, et propose maintenant des outils de segmentation semi-interactifs basés sur la ligne de partage des eaux et la spécification manuelle de marqueurs [2]. De plus, le guide d'utilisation a été largement étoffé avec de nombreux exemples montrant des cas d'application.

<https://imagej.net/MorphoLibJ>

[1] Schaefer, E.; Belcram, K.; Uyttewaal, M.; Duroc, Y.; Goussot, M.; Legland, D.; Laruelle, E.; de Tazua-Moreau, M.-L.; Pastuglia, M. & Bouchez, D. The preprophase band of microtubules controls the robustness of division orientation in plants *Science, American Association for the Advancement of Science*, 2017, 356, 186-189

[2] Legland, D.; Arganda-Carreras, I. & Andrey, P. MorphoLibJ: integrated library and plugins for mathematical morphology with ImageJ *Bioinformatics*, 2016, 32, 3532-3534

Actualités Autres Applications

Le logiciel ACompas



POTATOES



Ce système aide à la comparaison de souches à partir de catégories fonctionnelles ou de gènes homologues:

- Pour une souche donnée sous 2 conditions d'intérêt technologique (fromager/non fromager), comparer la liste des catégories fonctionnelles spécifiques ou communes en référence à une famille protéique donnée (parmi plusieurs). Dans le cas des familles protéiques pFam et COG, d'autres informations provenant d'une liste sont intégrées.
- De même pour un ensemble de souches sous ces mêmes 2 conditions, indiquer les catégories fonctionnelles spécifiques ou communes aux 2 conditions.
- Comparaison à partir des gènes homologues : indiquer les gènes communs ou spécifiques aux 2 conditions, à partir de fichiers issus de la plateforme IMG.

Selon les familles protéiques demandées (COG_ID, pfam_ID, Enzymes_number, KO_ID, TIGRFam_ID), il s'agit de comparer pour une souche donnée, la liste des catégories fonctionnelles retrouvées sur-représentées, sous-représentées, semblables ou encore absentes entre une condition A (souche X contre toutes les autres souches fromagères) et une condition B (souche X contre toutes les autres souches non fromagères).

Contact:
Hervé Guillemin (herve.guillemi@inra.fr).

Logiciel de POst-Traitement Automatisé de fichiers d'analyses TranscriptOmiqUES.

Manipulation de données, traitement de données provenant d'analyses transcriptomiques dans des fichiers Excel :

- Suppression des informations pour lesquelles une information clé (choisie par l'utilisateur, exemple : identifiants des gènes (ID fragments)) apparaît plus d'une fois.
- Création de fichiers intermédiaires par groupes d'annotations (choisis par l'utilisateur, exemple : catégories fonctionnelles).
- création de graphes pour mettre en évidence les gènes ou groupes de gènes sur ou sous exprimés dans une condition par rapport à une autre.

Un peu plus précisément, pour chaque fichier brut sélectionné, le logiciel :

- effectue des tris et des regroupements du fichier entier en fonctions des valeurs contenues dans une colonne pivot choisie par l'utilisateur,
- élimine les doublons dans les colonnes indiquées par l'utilisateur,
- découpe le fichier en autant de fichiers plus petits correspondants aux différentes valeurs trouvées dans la colonne pivot,
- ajoute éventuellement les colonnes correspondants aux décomptes d'une colonne désignée par l'utilisateur dont les valeurs sont inférieures ou supérieures à un seuil défini par l'utilisateur
- Et enfin éventuellement créé un graphe de type "Barre" à partir des colonnes calculées.

Contact:
Hervé Guillemin (herve.guillemi@inra.fr).

Une idée de partage ?

<http://www.pfl-cepia.inra.fr/index.php?page=partage>
Mutualisation "

Retrouver les lettres précédentes sur notre site Web, [page d'accueil](#)

Partage et Mutualisation

La plateforme PLASTIC, a acquis et gère des licences pour l'utilisation des logiciels suivants :

- **Matlab de MathWork,**
- **Unscrambler** : analyse de données
- **Sybase de PowerAMC** pour la modélisation de données.

Attention changement de serveur

Au prochain numéro

- **Un peu de BI ! La Business Intelligence à portée sur PLATIC.**
- **BaGaTeL** : une base de données générique pour les procédés et projets CEPIA.

Contacteur PLASTIC :
support-plastic@grignon.inra.fr,
avec ce courriel les ingénieurs reçoivent vos messages.

Tel : 01 30 81 54 93/52 44
02 40 67 52 43
03 84 73 63 15

Site web : <http://www.pfl-cepia.inra.fr/>