

**Visualisateur comparatif des génomes de Brassica et
Arabidopsis**
Guide d'utilisation

Copyright 2002
Agriculture et Agroalimentaire Canada
Saskatoon (Saskatchewan)
Auteur : Chris Lewis

Table des matières

Visualisateur comparatif des génomes de Brassica et Arabidopsis	1
Table des matières.....	2
Table des figures.....	2
Introduction.....	3
L'application.....	4
Commandes de base.....	4
Les fenêtres.....	5
Options de recherche.....	10

Table des figures

Figure 1 – Visualisateur de génomes Bioviz : Vue des chromosomes.....	4
Figure 2 – Commandes de défilement et de changement d'échelle.....	4
Figure 3 – Déplacement d'une fenêtre.....	5
Figure 4 – Fenêtre réduite à sa représentation iconique	5
Figure 5 – Fenêtre en avant-plan	5
Figure 6 – Fenêtre de recherche.....	6
Figure 7 – Vue d'un BAC.....	6
Figure 8 – Liste des gènes.....	7
Figure 9 – Fenêtre de renseignements sur un gène.....	7
Figure 10 – Fenêtre de séquence.....	8
Figure 11 – Affichage des EST dans la vue d'un BAC	8
Figure 12 – Vue HSP	9
Figure 13 – Données BEAST	9
Figure 14 – Les options de recherche	10
Figure 15 – Rapport Blast.....	11

Introduction

Ce document contient des directives pour l'utilisation du Visualisateur comparatif des génomes de Brassica et Arabidopsis développé par l'équipe de bioinformatique du Centre de recherches de Saskatoon (CRS) d'Agriculture et Agroalimentaire Canada (AAC). La version publique de ce visualisateur peut être téléchargée à l'adresse www.brassica.ca.

Le Visualisateur comparatif des génomes de Brassica et Arabidopsis du CRS est fondé sur BioViz, une application de visualisation¹ de génomes. BioViz permet à l'utilisateur de visualiser, à partir de son navigateur Web, une représentation du génome de Arabidopsis, avec les annotations TIGR. Dans le visualisateur comparatif, cette fonctionnalité est étendue de façon à permettre la visualisation des relations qui existent entre le génome de Arabidopsis et les séquences génomiques exprimées (EST) de *Brassica napus* obtenues dans le cadre de notre programme de séquençage. Ces séquences génomiques ont été alignées avec les BAC utilisés dans le séquençage du génome, et elles peuvent être visualisées sur demande.

Le visualisateur a été développé au moyen de SVG (Scalable Vector Graphics), un standard recommandé par le World Wide Web Consortium (W3C). L'utilisation du Visualisateur comparatif nécessite le programme complémentaire Adobe SVG, qui peut être téléchargé depuis l'adresse www.adobe.com/svg. Bien que le visualisateur soit fonctionnel, il est toujours en cours de développement, de sorte que vos commentaires seront appréciés. Courriel : Brassica_Viewer@agr.gc.ca.

Le visualisateur a été testé sur des machines Win95/Win98/Win2K avec IE 5.5/6.0 et Netscape 4.78. Il n'a pas été testé sur un Macintosh, bien que Adobe fournisse le programme complémentaire SVG pour ce type de machine. Le visualisateur ne fonctionnera sans doute pas avec Unix/Linux, Adobe ne supportant pas de programme complémentaire SVG pour Unix/Linux.

¹ http://www.svgopen.org/papers/2002/42_lewis_et_al__bioviz_genome_viewer/

L'application

Après le lancement de l'application, vous devriez voir apparaître à l'écran la vue des chromosomes ci-après (Figure 1) :

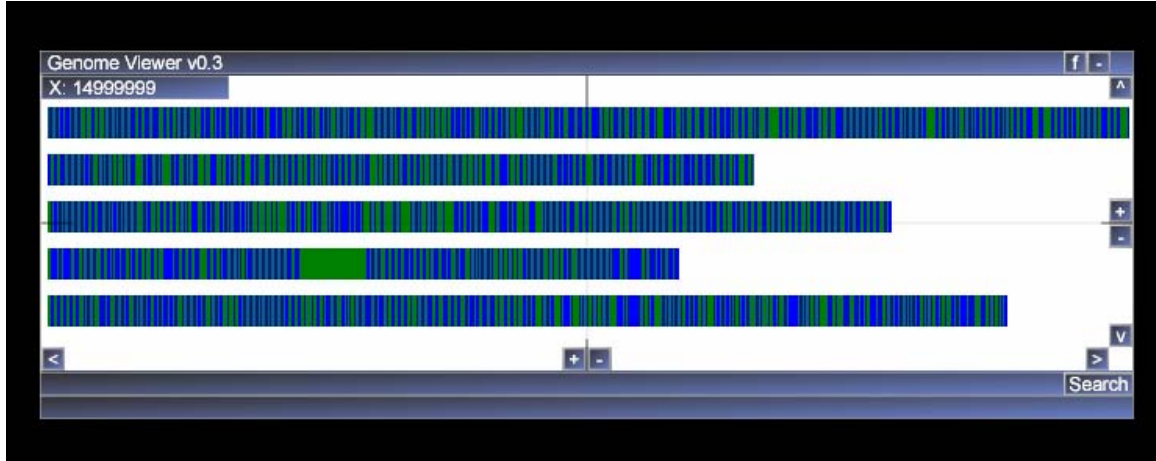


Figure 1 – Visualisateur de génomes Bioviz : Vue des chromosomes

Commandes de base

Cette vue initiale intègre la majorité des fonctionnalités qui sont disponibles dans les autres fenêtres. Les fenêtres de BioViz sont dotées des fonctionnalités auxquelles on s'attend normalement dans un système muni d'une interface utilisateur graphique. On peut faire défiler la fenêtre horizontalement et verticalement ou en modifier l'échelle, au moyen des commandes (Figure 2) qui figurent sur son bord. Lorsque ces commandes sont absentes, c'est qu'il est impossible de faire défiler le contenu de la fenêtre ou d'en modifier l'échelle. Les changements d'échelle dans la fenêtre s'effectuent par rapport au « viseur » (placé entre les boutons + / -, d'un côté à l'autre).



Figure 2 – Commandes de défilement et de changement d'échelle

Le fait de cliquer sur le bouton de la souris et de le maintenir enfoncé sur la barre de titre assombrit la fenêtre. Le fait de déplacer la souris pendant que la fenêtre est assombrie déplace la fenêtre (Figure 3).

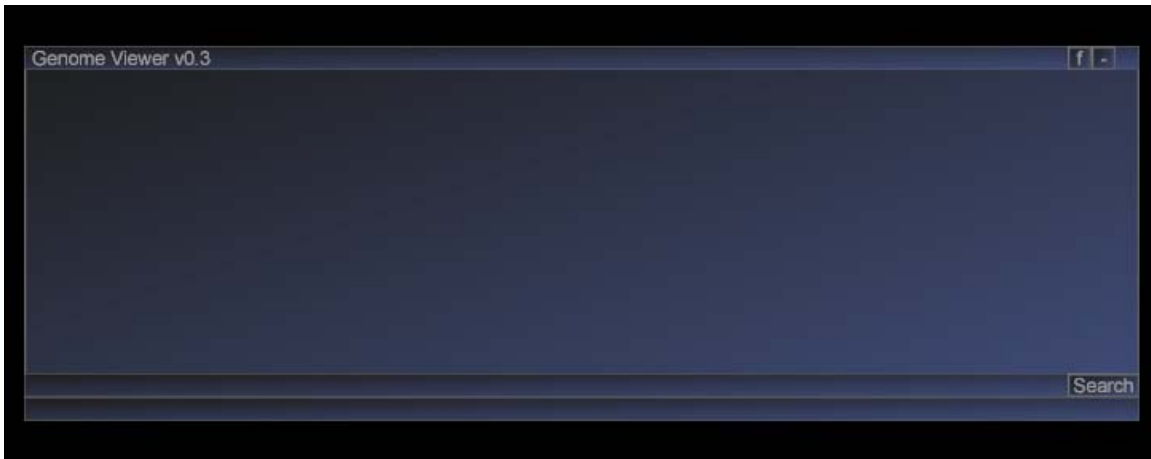


Figure 3 – Déplacement d'une fenêtre

Le bouton **f** en haut à droite d'une fenêtre peut être utilisé pour réduire celle-ci à sa représentation iconique. Lorsque la fenêtre est réduite à sa représentation iconique, seule demeurent visibles la barre de titres, la barre d'état et la barre de boutons de la fenêtre, de sorte que vous pouvez quand même visualiser les messages d'état et vous servir des boutons offerts par cette fenêtre (Figure 4).



Figure 4 – Fenêtre réduite à sa représentation iconique

Le bouton **f** en haut à droite d'une fenêtre peut être utilisé pour amener celle-ci en avant-plan. Par conséquent, lorsque la fenêtre qui vous intéresse est recouverte par une autre fenêtre, vous pouvez l'amener en avant-plan. Le bouton **X** en haut à droite de la plupart des fenêtres peut être utilisé pour refermer la fenêtre (Figure 5).



Figure 5 – Fenêtre en avant-plan

Les fenêtres

Le Visualisateur de génomes offre un certain nombre de vues. La vue initiale des chromosomes affiche une représentation des cinq chromosomes de Arabidopsis avec les

annotations TIGR. La barre de boutons de cette fenêtre comporte un bouton de recherche. Un clic sur ce bouton appelle une fenêtre présentant le menu de recherche (Figure 6). Les diverses options de recherche seront expliquées plus tard dans la section sur les recherches.

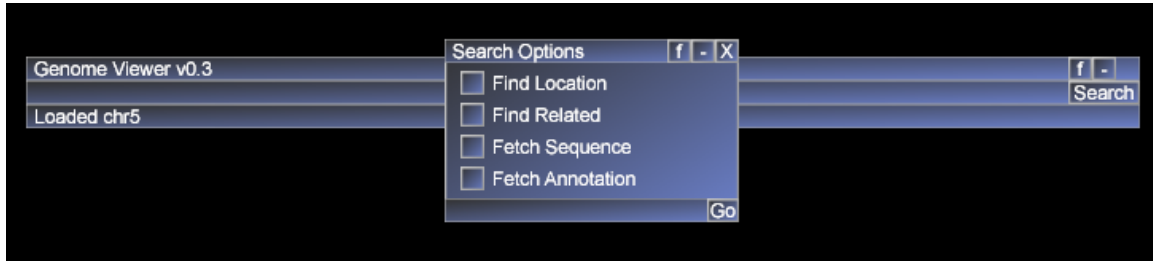


Figure 6 – Fenêtre de recherche

Le fait de cliquer sur un des BAC qui constituent le chromosome de Arabidopsis ouvre une fenêtre présentant la vue de ce BAC (Figure 7). Le BAC sélectionné est marqué en rouge pour permettre de le retrouver plus facilement plus tard. Vous remarquerez que, lorsque vous passez avec la souris sur les BAC, les identificateurs de ces derniers s'affichent à gauche de la barre d'état (regardez en bas à gauche dans la vue du BAC).

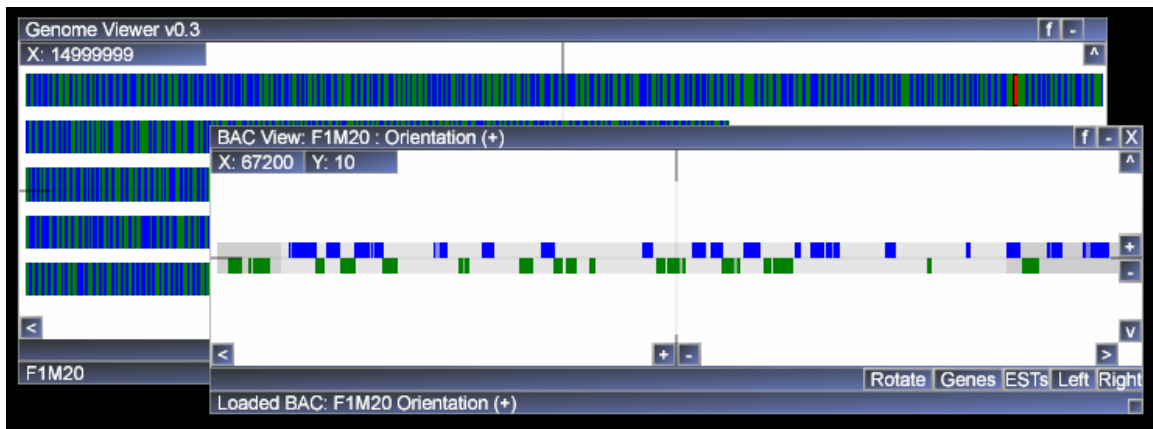


Figure 7 – Vue d'un BAC

La vue d'un BAC contient la représentation du BAC considéré. Les gènes avec les annotations TIGR sont affichés dans la vue du BAC. Les gènes du haut (en bleu) se trouvent dans le sens + (par rapport au chromosome), et les gènes du bas (en vert) se trouvent dans le sens – par rapport au chromosome. Un clic sur les boutons gauche et droit ouvre une fenêtre affichant les voisins de gauche ou de droite du BAC considéré.

La barre de titre fournit l'orientation du BAC. Dans ce cas particulier, l'orientation est +, ce qui indique que l'annotation du BAC et l'annotation du chromosome ont la même orientation. Nous avons choisi d'orienter les BAC dans le sens indiqué dans l'annotation du chromosome, afin que les gènes qui se trouvent dans des zones qui se chevauchent (les extrémités en gris dans la vue BAC) soient alignés avec eux-mêmes dans les BAC voisins. Dans certaines analyses, l'orientation des BAC est importante.

Cliquez sur le bouton Genes pour obtenir une liste des gènes de ce BAC (Figure 8). Dans les versions ultérieures du Visualisateur de génomes, il s'agira d'une liste « en direct » et vous pourrez cliquer sur un gène pour le sélectionner. Pour le moment, vous devez sélectionner le gène qui vous intéresse dans la représentation du BAC.

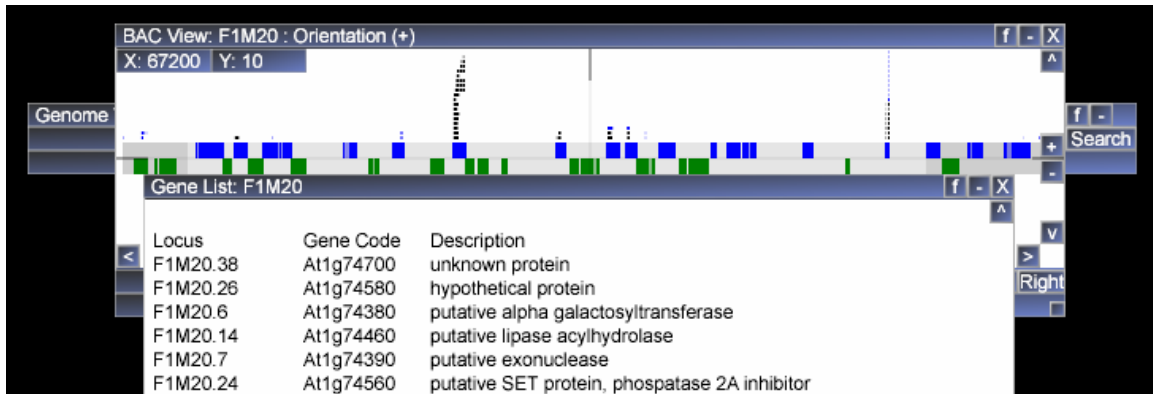


Figure 8 – Liste des gènes

Lorsque vous cliquez sur un gène, une fenêtre qui contient des renseignements sur le gène en question apparaît à l'écran, avec l'annotation concernant ce gène tirée de l'ensemble de données TIGR (Figure 9). Vous remarquerez que, lorsque vous passez avec la souris sur les gènes du BAC, les identificateurs des divers gènes apparaissent dans la barre d'état de la vue du BAC.

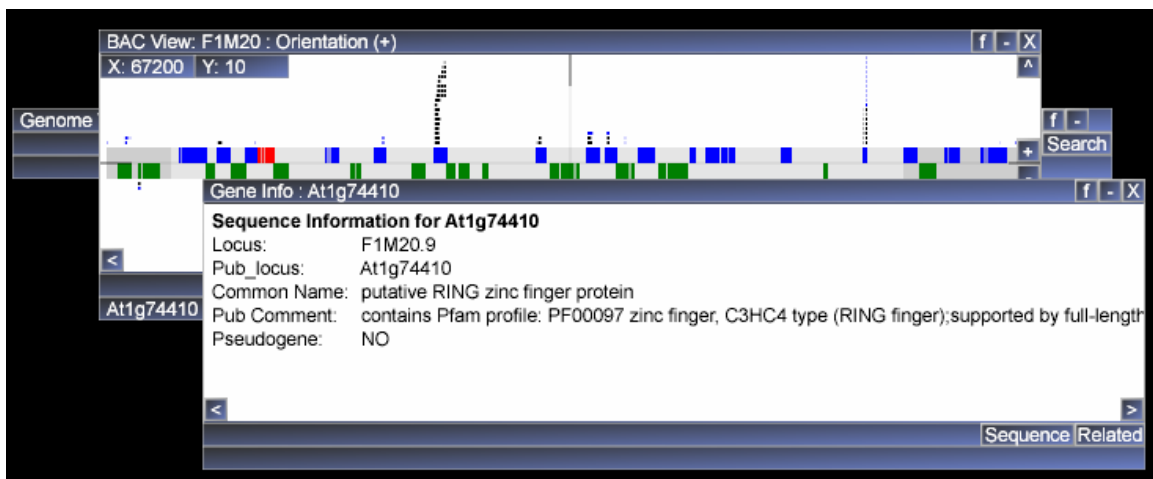


Figure 9 – Fenêtre de renseignements sur un gène

Depuis la fenêtre de renseignement sur un gène, vous pouvez obtenir la séquence du gène. Un clic sur le bouton Sequence fait apparaître une liste des options de séquence. En choisissant le type de séquence qui vous intéresse (Coding, Gene, Protein) et en sélectionnant le bouton Go, vous faites apparaître une fenêtre qui contient la séquence désirée (Figure 10). La barre de titre de cette fenêtre indique la source et le type de la séquence.

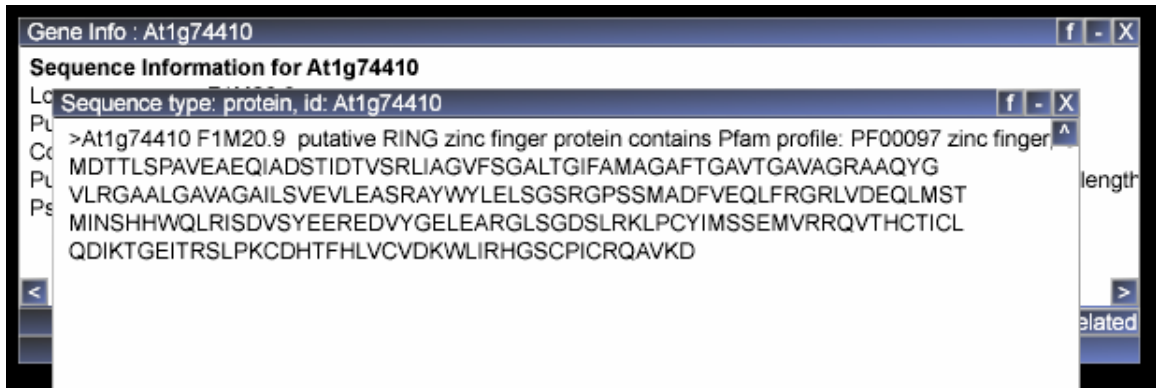


Figure 10 – Fenêtre de séquence

Le fait de refermer la fenêtre de séquence et la fenêtre de renseignements sur le gène vous ramène à la vue du BAC. Cliquez sur le bouton EST pour afficher les EST qui présentent une certaine homologie avec ce BAC (Figure 11). Vous observerez que, lorsque vous passez avec la souris sur les diverses EST, leurs identifiants s'affichent dans la barre d'état de la vue du BAC. Les résultats en noir sont des résultats primaires, et les résultats en bleu, des résultats non primaires. Vous trouverez plus loin dans le présent guide une description de la façon dont ces relations ont été établies.

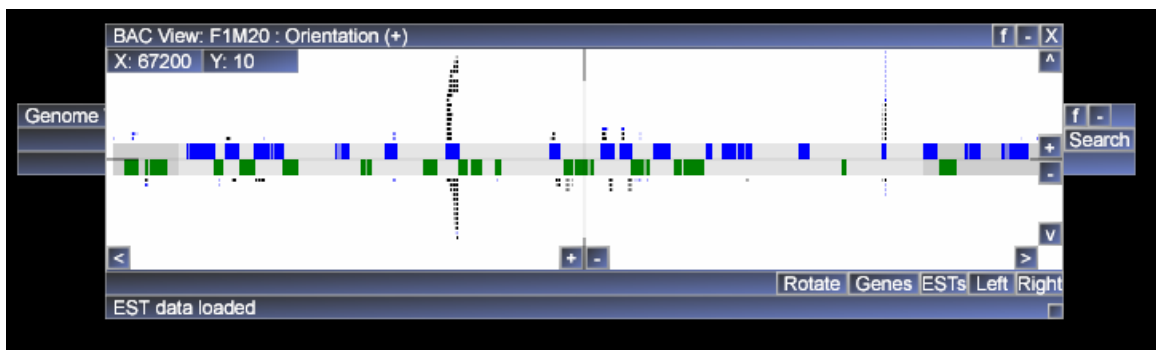


Figure 11 – Affichage des EST dans la vue d'un BAC

Un clic sur une EST ouvre la vue HSP (High Scoring Pair ou paire à note élevée) (Figure 12). Cette fenêtre présente les statistiques BLAST pour chaque HSP constituant ce résultat. Les boutons Next et Prev vous permettent de parcourir les HSP. Il est important pour l'utilisateur de savoir que ces derniers sont affichés par ordre d'homologie croissante, plutôt que de gauche à droite.



Figure 12 – Vue HSP

Il s'agit d'un des cas où l'orientation du BAC est importante. Les coordonnées du BAC indiquées dans la vue HSP correspondent à celles qui sont indiquées dans la vue du BAC uniquement lorsque cette dernière indique une orientation+. Lorsque le BAC comporte une orientation -, vous devez lui faire subir une rotation au moyen du bouton approprié.

Le bouton BEAST permet d'extraire de l'information tirée de notre base de données BEAST (Brassica EST Analysis and Search Tool ou outil de recherche et d'analyse des EST de Brassica), avec les correspondances significatives avec les bases de données NCBI NT et NR. Le bouton Sequence retourne la séquence de l'EST depuis le serveur, mais cette fonction n'est pas disponible pour le moment dans la version publique (veuillez envoyer un message par courriel à l'adresse Brassica_EST@agr.gc.ca pour vous renseigner sur la disponibilité des EST).

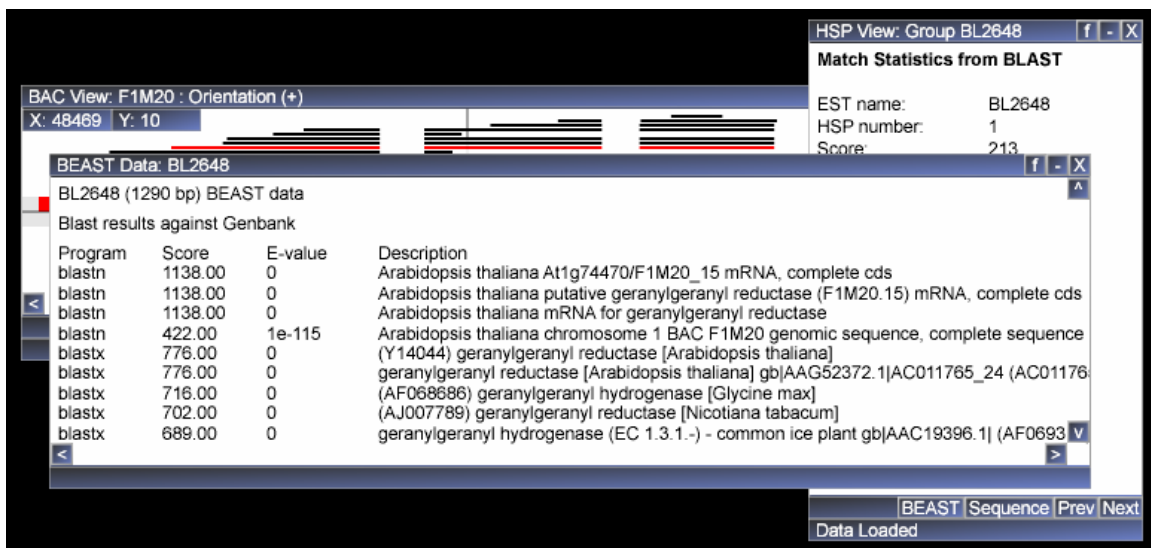


Figure 13 – Données BEAST

Options de recherche

Le visualisateur de génomes BioViz offre un certain nombre d'options de recherche (Figure 14).

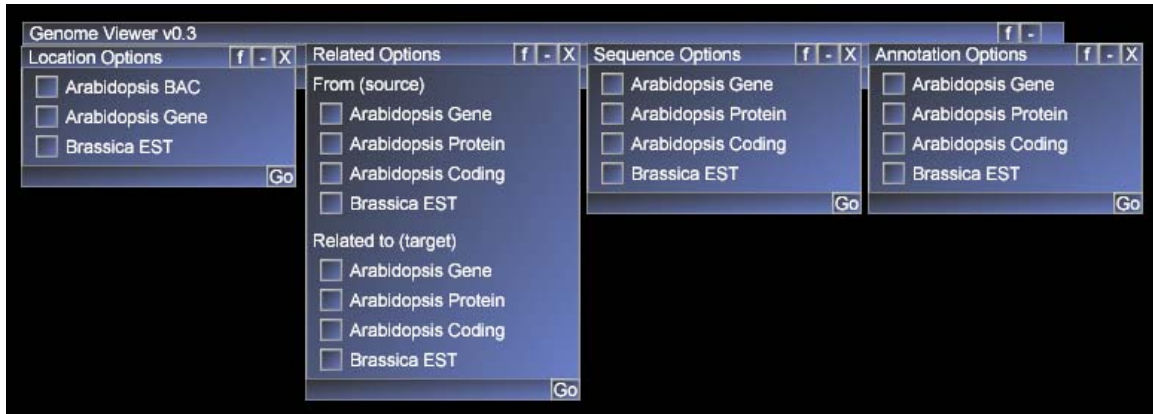


Figure 14 – Les options de recherche

Le premier ensemble d'options a été appelé Location Options. Ici, vous pouvez trouver l'emplacement d'une caractéristique qui vous intéresse. Actuellement, vous pouvez chercher un BAC, un gène ou une EST (ces options ne sont pas actuellement disponibles dans la version publique, mais elles le seront bientôt). Le fait de chercher un BAC ouvre la vue correspondant au BAC désiré. Le fait de chercher un gène ouvre la vue du BAC dans lequel le gène désiré se trouve. Le fait de chercher une EST retourne une liste des BAC qui présentent une homologie significative avec l'EST désirée. Le fait de choisir un BAC dans cette liste ouvre la vue correspondant au BAC désiré.

L'ensemble d'options suivant vous permet de visualiser les relations qui existent entre une caractéristique qui vous intéresse et les éléments d'un ensemble cible. Ainsi, vous pouvez voir comment un gène est apparenté à tous les autres gènes, en sélectionnant Arabidopsis Gene comme source et Arabidopsis Gene comme cible (Figure 15). Pour le moment, aucune fonction de recherche ne porte sur les EST de Brassica.

Un clic sur le bouton situé en regard de l'identificateur du gène dans la vue Blast Report ouvre une fenêtre présentant des renseignements sur ce gène (Figure 9). Un clic sur une des barres en regard du gène ouvre la vue HSP qui présente des statistiques sur ce dernier (Figure 12).



Figure 15 – Rapport Blast

L'ensemble d'options suivant vous permet d'extraire la séquence correspondant à une caractéristique qui vous intéresse. Les types de caractéristiques disponibles sont les suivants : Arabidopsis Gene Sequence (séquence de gène de Arabidopsis), Arabidopsis Coding Sequence (séquence de code de Arabidopsis) et Arabidopsis Protein Sequence (séquence de protéine de Arabidopsis). Nous sommes incapables de fournir les séquences des EST de *B. napus* dans la version publique. Cette option ouvrira une fenêtre contenant le type de séquence désiré (Figure 10).

Le dernier ensemble d'options permet à l'utilisateur d'extraire l'annotation concernant une caractéristique qui l'intéresse. Les types de caractéristiques autorisés sont les suivants : Arabidopsis Gene Sequence (séquence de gène de Arabidopsis), Arabidopsis Coding Sequence (séquence de code de Arabidopsis), Arabidopsis Protein Sequence (séquence de protéine de Arabidopsis) et Brassica napus BEAST information (renseignements BEAST sur Brassica napus). Cette option affichera l'annotation génique pour le type de Arabidopsis souhaité (Figure 9) ou l'information BEAST pour l'EST de *Brassica napus* souhaitée (Figure 13).