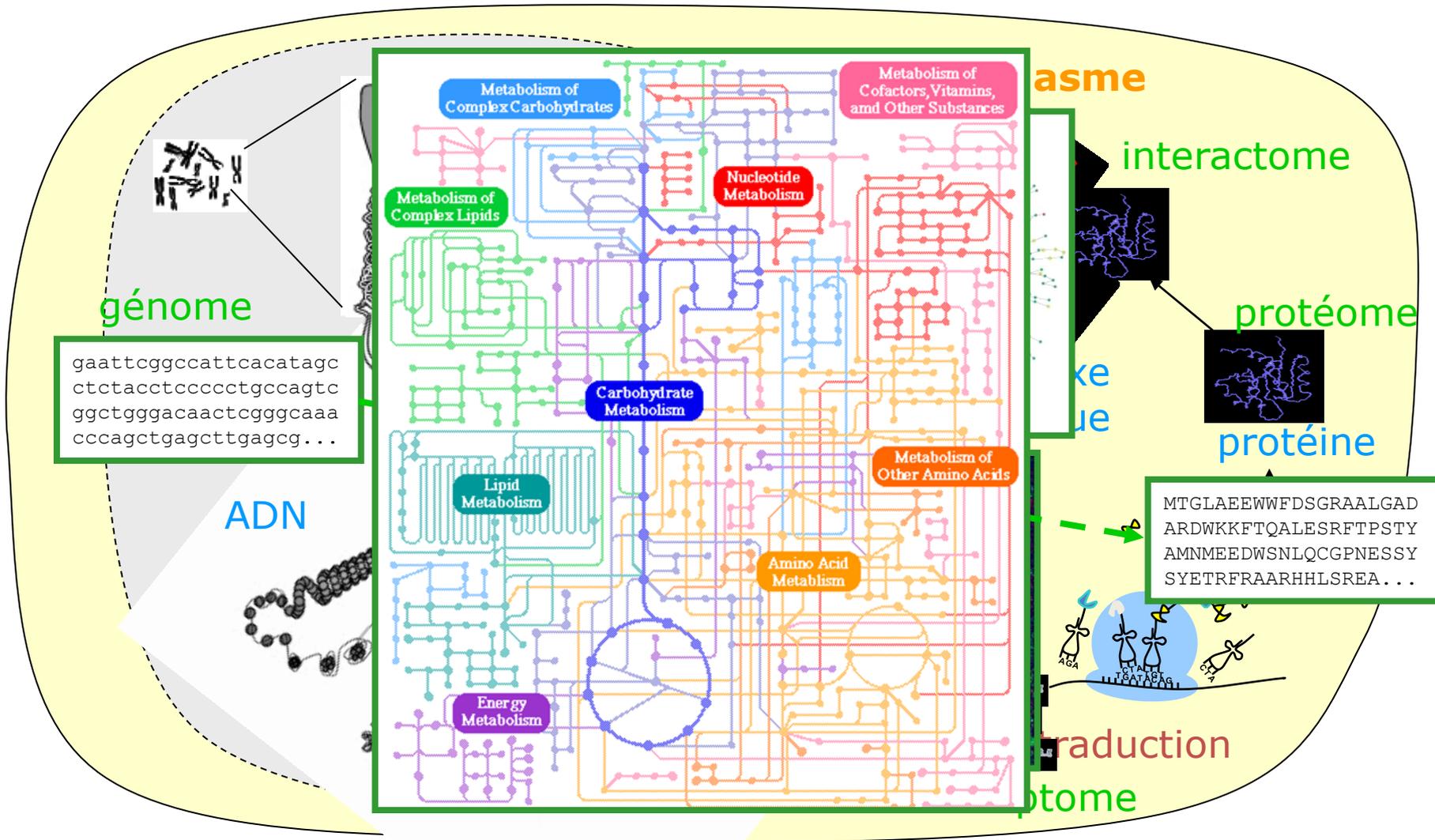


Intégration de données hétérogènes

Master 2 MABS

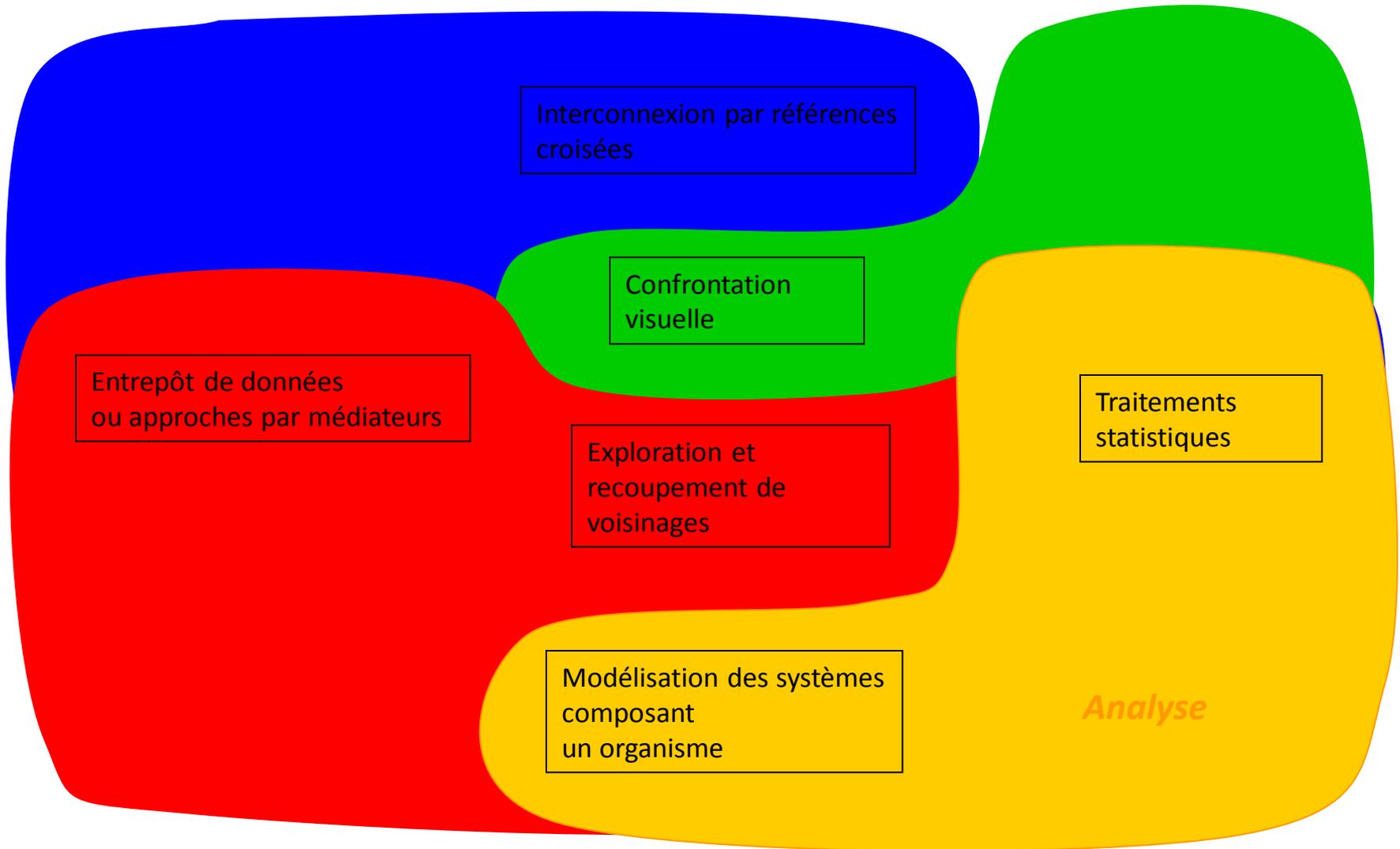
- Pourquoi ?
- Qu'est-ce que l'intégration ?
 - ◆ Interconnexion
 - ◆ Fusion
 - ◆ Médiation
 - ◆ Modélisation
 - ◆ Confrontation
 - ◆ Recoupement



Cellule eucaryote

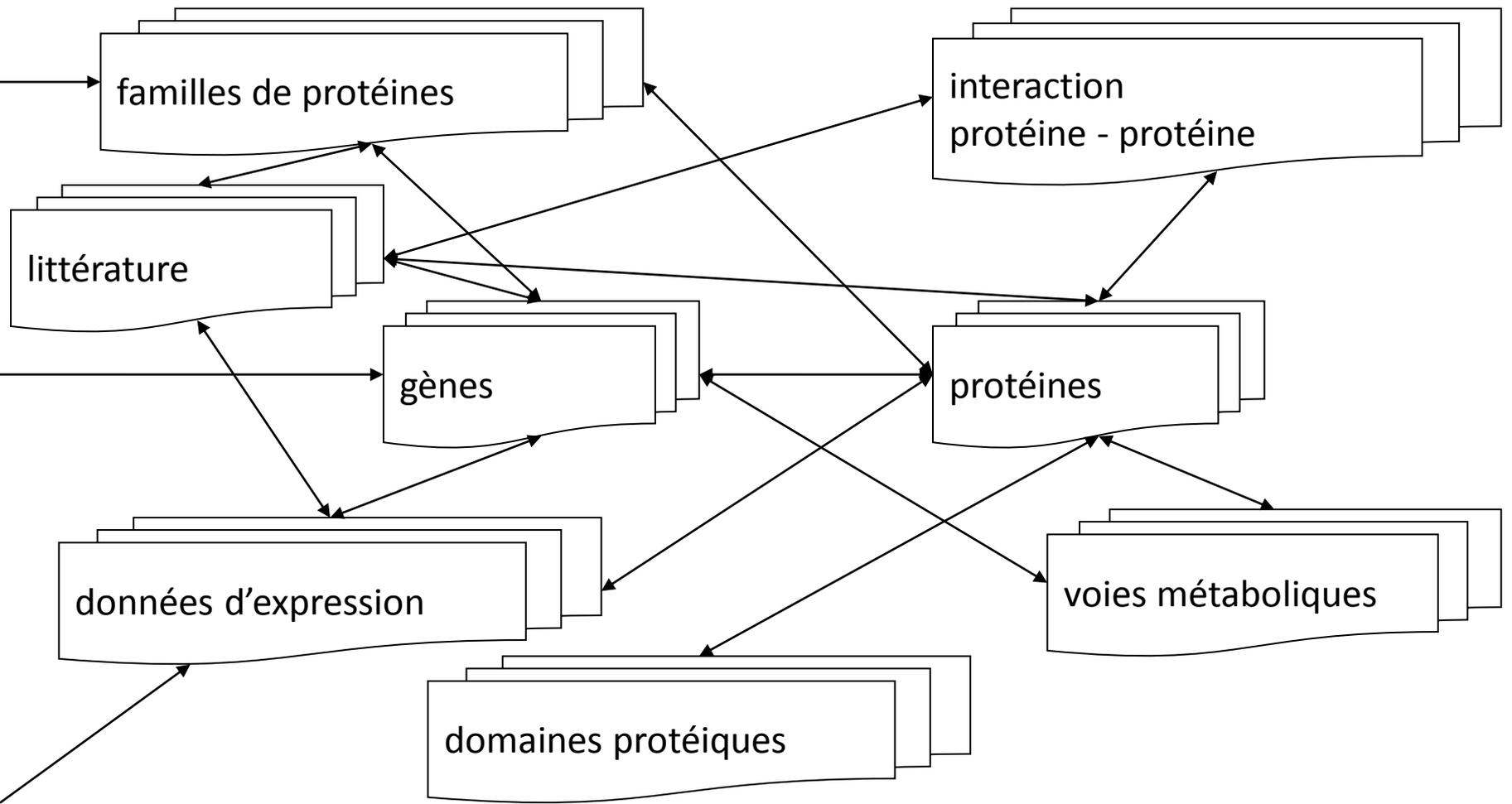
Apperçu des données disponibles

- En quantité
- Dispersées
 - gènes, protéines, expression, interaction, ...
 - NCBI, EBI, KEGG, SIB, ...
- Hétérogènes : type, structure et sémantique
 - ♦ mots : séquence génome, gène, protéine
 - ♦ attributs
 - nominaux : mots-clés, ontologies, vocabulaires contrôlés
 - numériques :
 - ♦ niveaux d'expression,
 - ♦ usage des codons
 - ♦ graphes : interaction protéique, réactions enzymatiques, transduction du signal, structures classificatoires
 - ♦ texte
 - vocabulaire contrôlé
 - littérature



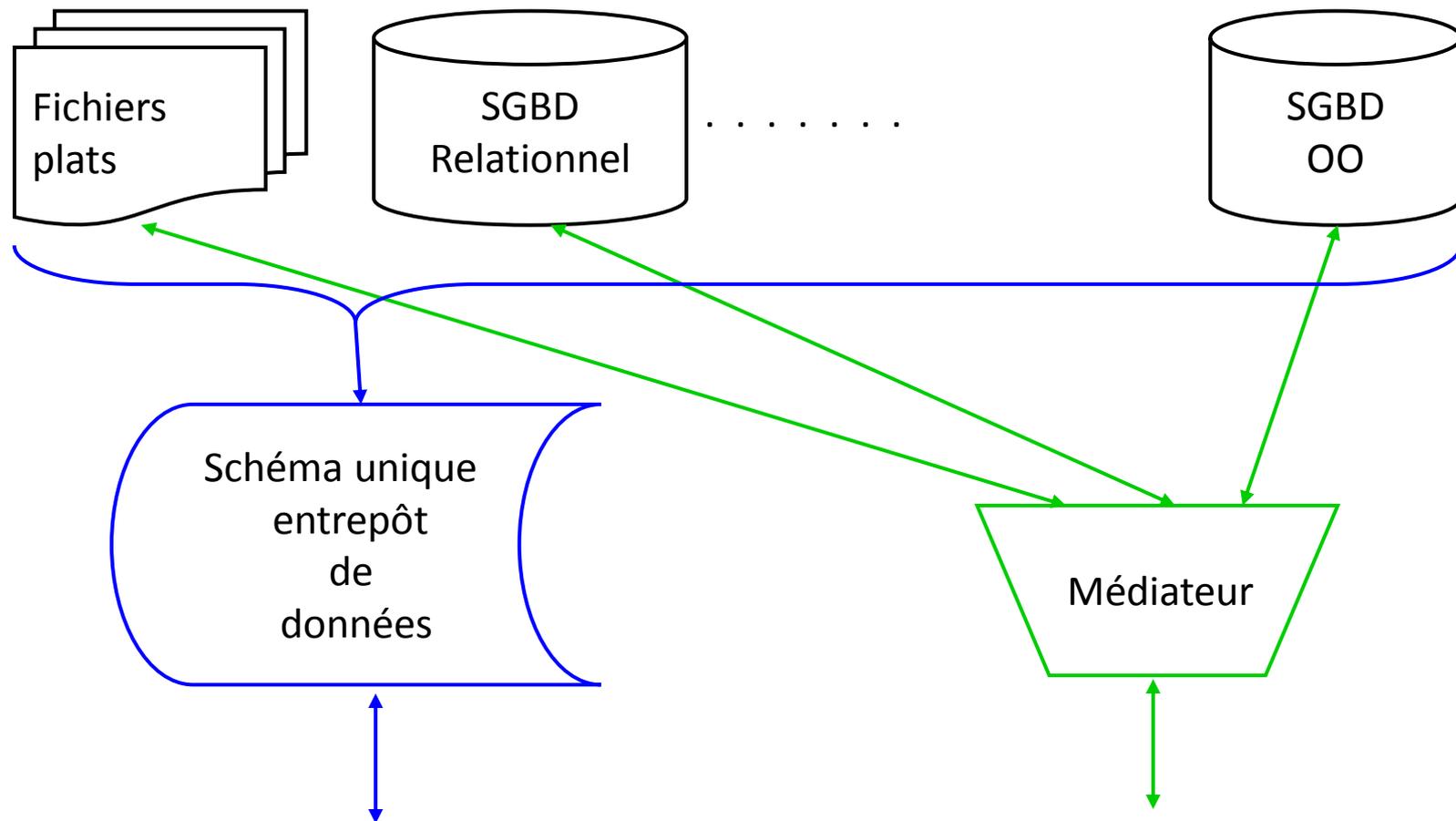
- Exploitation des références (croisées)
 - ◆ interconnexion
 - ◆ schéma unifié matérialisé : entrepôt
 - ◆ schéma unifié virtuel : médiateur
- Modélisation
- Statistiques
- Confrontation visuelle, exploratoire
- Exploitation de la notion de voisinage
 - ◆ exploration
 - ◆ recoupement
 - ◆ confrontation
 - ◆ fusion

Intégration par interconnexion : principe



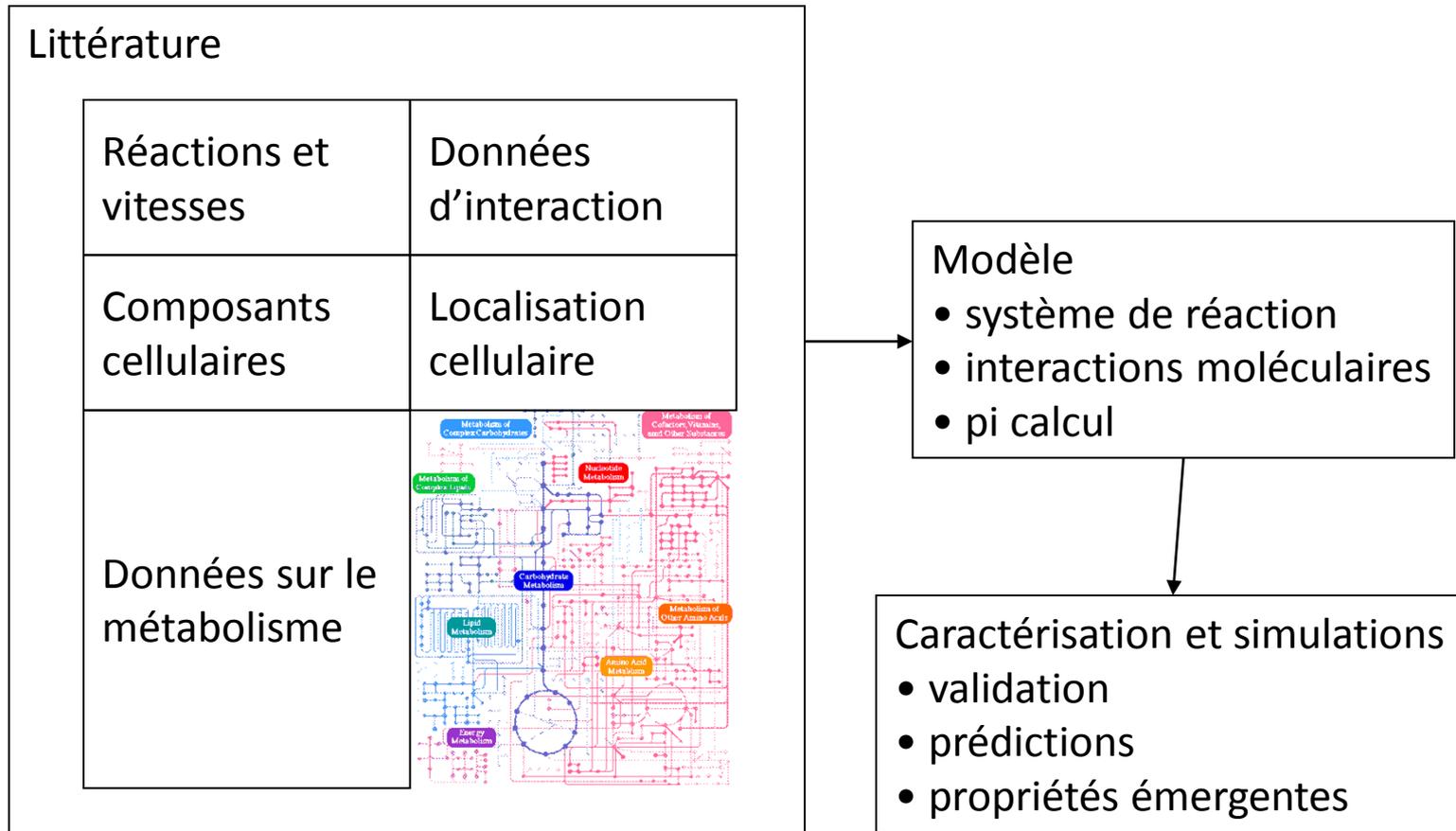
SRS [Etzold et al., 1996], Entrez [Schuler et al., 1996], ...

Intégration par fusion ou par médiateurs



Integr8 [Kersey et al., 2005], BioMart [Kasprzyk et al., 2004],
WInGS [Abergel et al., 2004], BioKleisli [Davidson et al., 1997], ...

- Exploitation des références (croisées)
 - ◆ interconnexion
 - ◆ schéma unifié matérialisé : entrepôt
 - ◆ schéma unifié virtuel : médiateur
- Modélisation
- Statistiques
- Confrontation visuelle, exploratoire
- Exploitation de la notion de voisinage
 - ◆ exploration
 - ◆ recoupement
 - ◆ confrontation
 - ◆ fusion

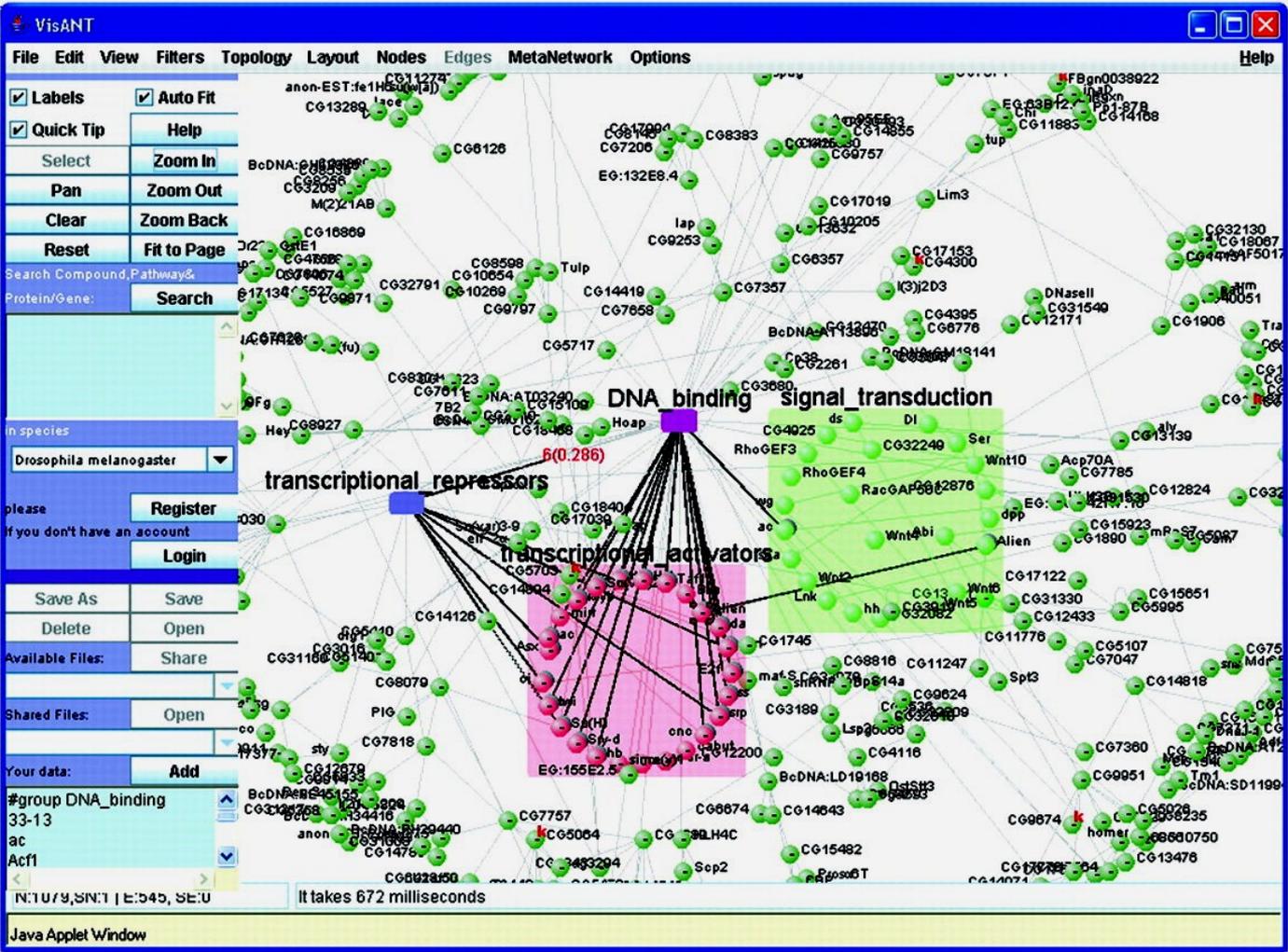


Virtual Cell [Loew et Schaff, 2001], E-CELL [Tomita et al., 1999],
 Cellerator [Shapiro et al., 2003], ...

- Exploitation des références (croisées)
 - ◆ interconnexion
 - ◆ schéma unifié matérialisé : entrepôt
 - ◆ schéma unifié virtuel : médiateur
- Modélisation
- Statistiques
- Confrontation visuelle, exploratoire
- Exploitation de la notion de voisinage
 - ◆ exploration
 - ◆ recoupement
 - ◆ confrontation
 - ◆ fusion

- Exploitation des références (croisées)
 - ◆ interconnexion
 - ◆ schéma unifié matérialisé : entrepôt
 - ◆ schéma unifié virtuel : médiateur
- Modélisation
- Statistiques
- Confrontation visuelle, exploratoire
- Exploitation de la notion de voisinage
 - ◆ exploration
 - ◆ recoupement
 - ◆ confrontation
 - ◆ fusion

Confrontation visuelle



Visant [Hu et al., 2005]

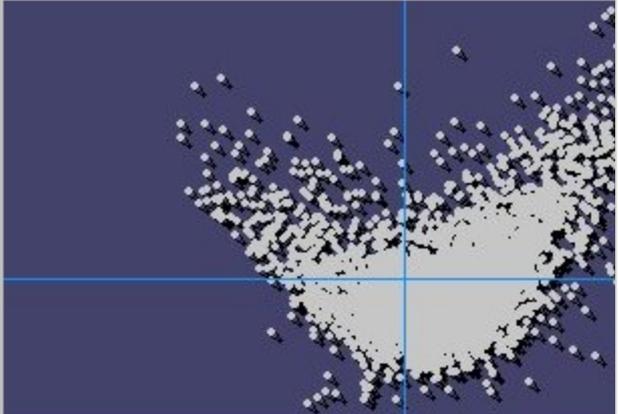
- Exploitation des références (croisées)
 - ◆ interconnexion
 - ◆ schéma unifié matérialisé : entrepôt
 - ◆ schéma unifié virtuel : médiateur
- Modélisation
- Statistiques
- Confrontation visuelle, exploratoire
- Exploitation de la notion de voisinage
 - ◆ exploration
 - ◆ recoupement
 - ◆ confrontation
 - ◆ fusion

Exploration visuelle de voisinages

argB neighbours

Swiss Prot
Classification
Codons

Bibliography
pI
Save / Print



Neighbor genes

- argA
- ybjD
- ybbB
- yeiE



Gene
Neighborhood



Codon
Usage

argH neighbours

Swiss Prot
Classification
Codons
Pathway

Bibliography
pI
Save / Print

Bibliography

Select a level below to display neighbor genes

Escherichia coli and Salmonella typhimurium cellular and molecular biology.
 F. Neidhardt, R. Curtiss III, J. Ingraham, E. Lin, K. Brooks Low, B. Magasanik, W. Reznikoff, M. Riley, M. Schaechter and H. Umberg

Variations on a Theme by Escherichia

[Genome Structure](#)

Biosynthesis of Arginine and Polyamines

[Arginine Biosynthetic Enzymes](#)

- N-Acetylglutamokinase
- N-Acetylglutamylphosphate Reductase
- Argininosuccinase

[Arginine Reulon](#)

Neighbor genes



Gene
Neighborhood



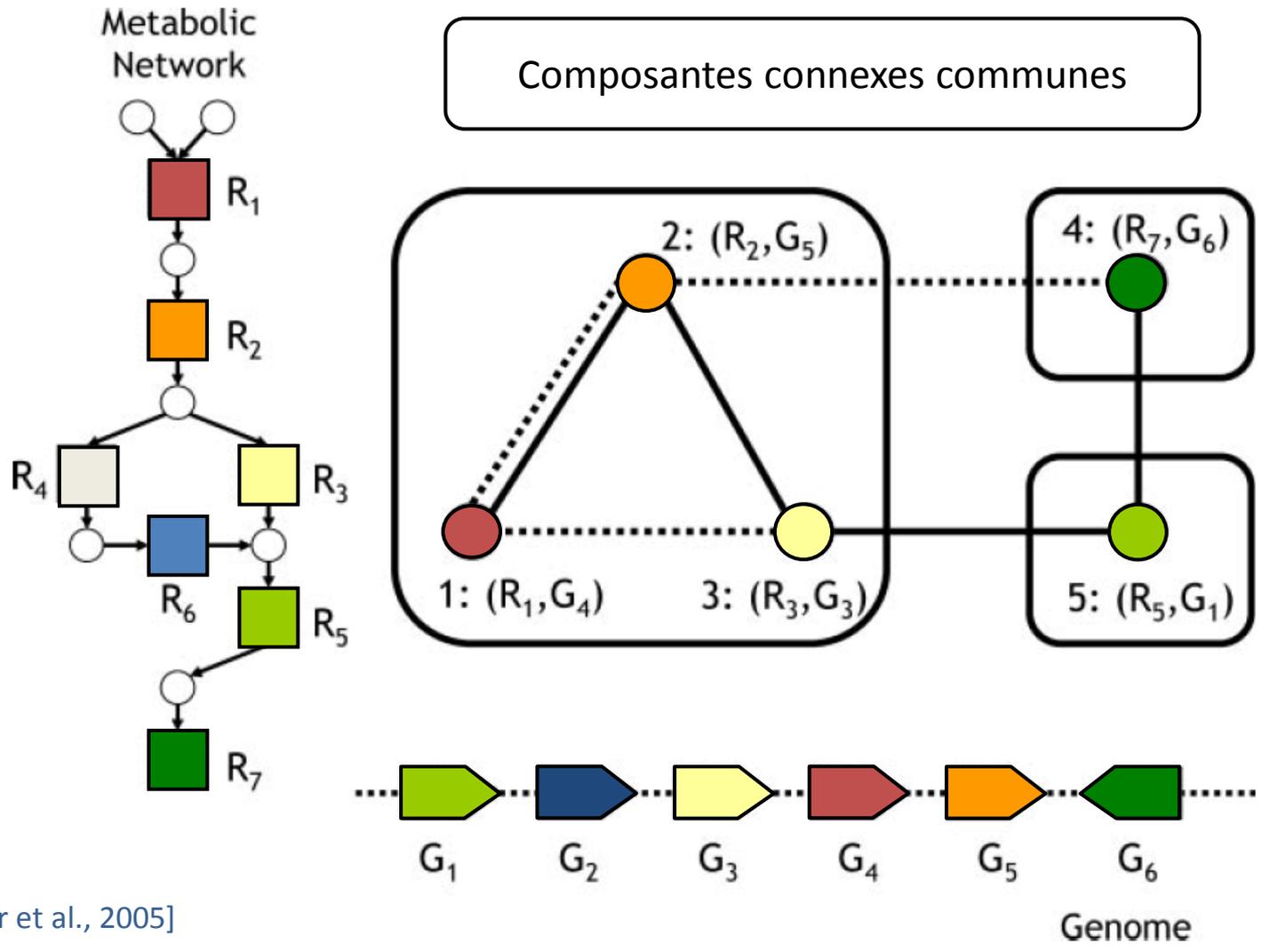
Codons
Usage


Delete

Java Applet Window

Java Applet Window

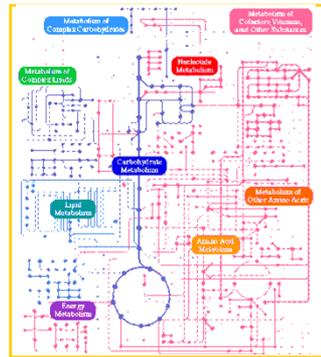
Recoupement de voisinages : approche graphique



[Boyer et al., 2005]

Genome

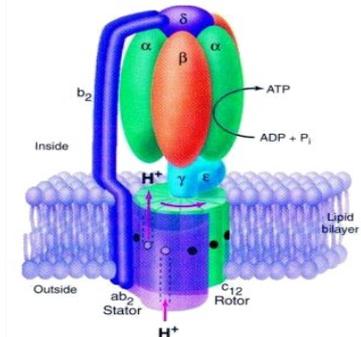
Recoupement de voisinages : approche ensembliste



voies
métaboliques



localisation chromosomique



complexes
protéiques

ensembles de gènes

Nucleic Acids Research Advance Access published May 28, 2008

Nucleic Acids Research Advance Access published May 28, 2008

Nucleic Acids Research Advance Access published May 28, 2008
Nucleic Acids Research, 2008, 1-8
doi:10.1093/nar/gln225

ENDEAVOUR update: a web resource for gene prioritization in multiple species

Léon-Charles Tranchevent¹, Roland Barriot¹, Shi Yu¹, Steven Van Vooren¹, Peter Van Loo^{1,2,3}, Bert Coessens¹, Bart De Moor¹, Stein Aerts^{3,4} and Yves Moreau^{1,*}

¹Department of Electrical Engineering ESAT-SCD, Katholieke Universiteit Leuven, ²Human Genome Laboratory, Department of Molecular and Developmental Genetics, VIB Leuven, ³Department of Human Genetics, Katholieke Universiteit Leuven School of Medicine and ⁴Laboratory of Neurogenetics, Department of Molecular and Developmental Genetics, VIB, Leuven (Belgium)

Received February 7, 2008; Revised April 30, 2008; Accepted May 7, 2008

ABSTRACT
Endeavour (<http://www.esat.kuleuven.be/endeavour>) web: this web site is free and open to all users and there is no login requirement) is a web resource for the prioritization of candidate genes. Using a training set of genes known to be involved in a biological process of interest, our approach consists of (i) inferring several models (based on various genomic data sources), (ii) applying each model to the candidate genes to rank those candidates against the profile of the known genes and (iii) merging the several rankings into a global ranking of the candidate genes. In the present

BACKGROUND
With the recent improvements in high-throughput technologies, many organisms have seen their genomes sequenced and, more importantly, annotated. This process leads to the generation of a large amount of genomic data and the creation and maintenance of corresponding databases. However, covering genomic data into biological knowledge to identify genes involved in a particular process or disease remains a major challenge. Nevertheless, there is much evidence to suggest that functionally related genes often cause similar phenotypes (1-5). To identify which genes are responsible for which phenotype, association studies and linkage analyses are often used, resulting in large lists of candidate genes. In

co-citation

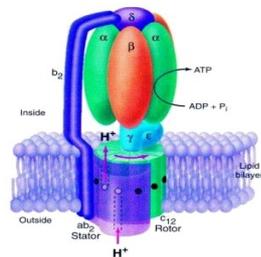
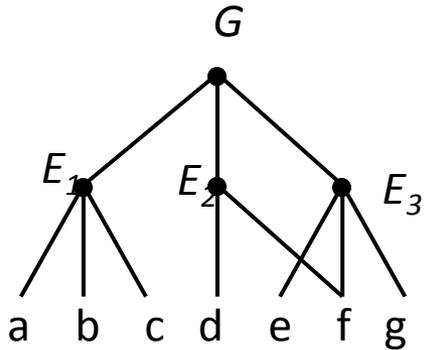


domaines
protéiques

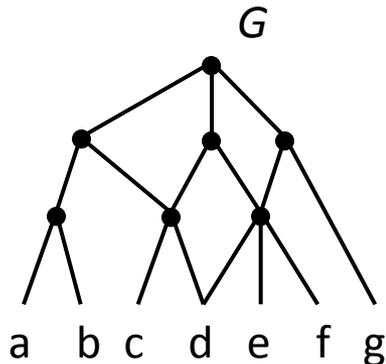
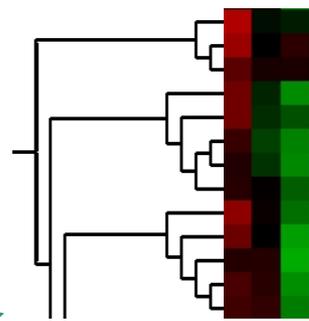


Gene
Ontology

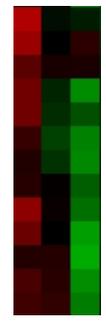
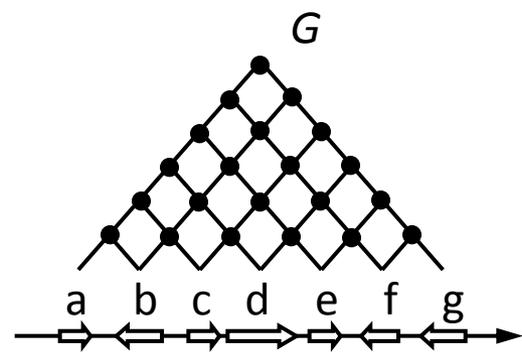
Ensembles



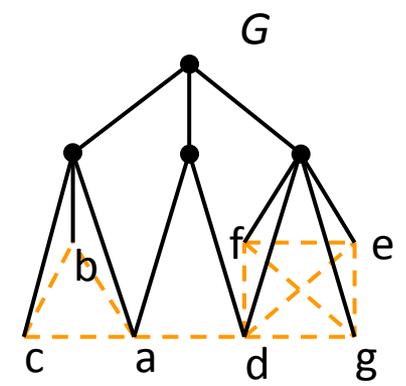
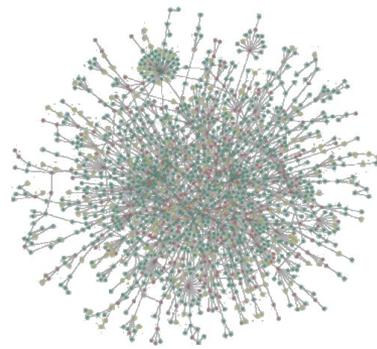
Hiérarchies



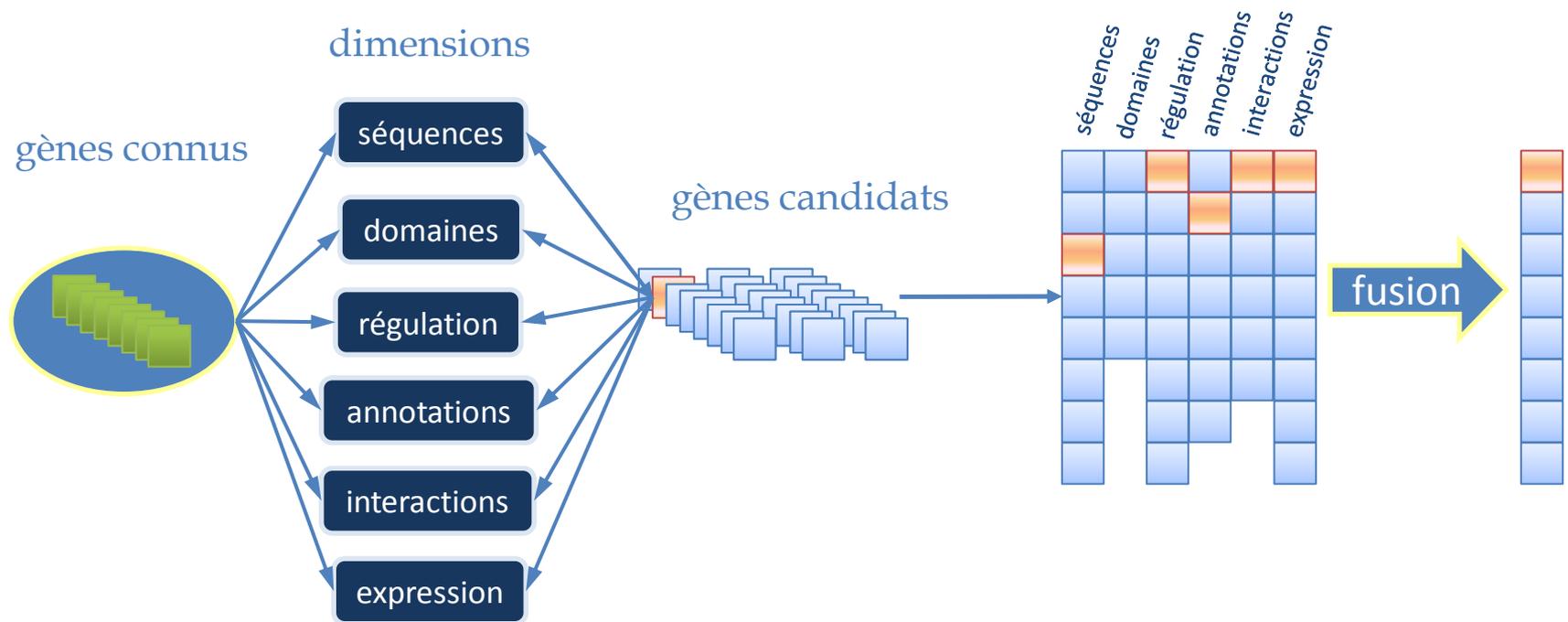
Vecteurs



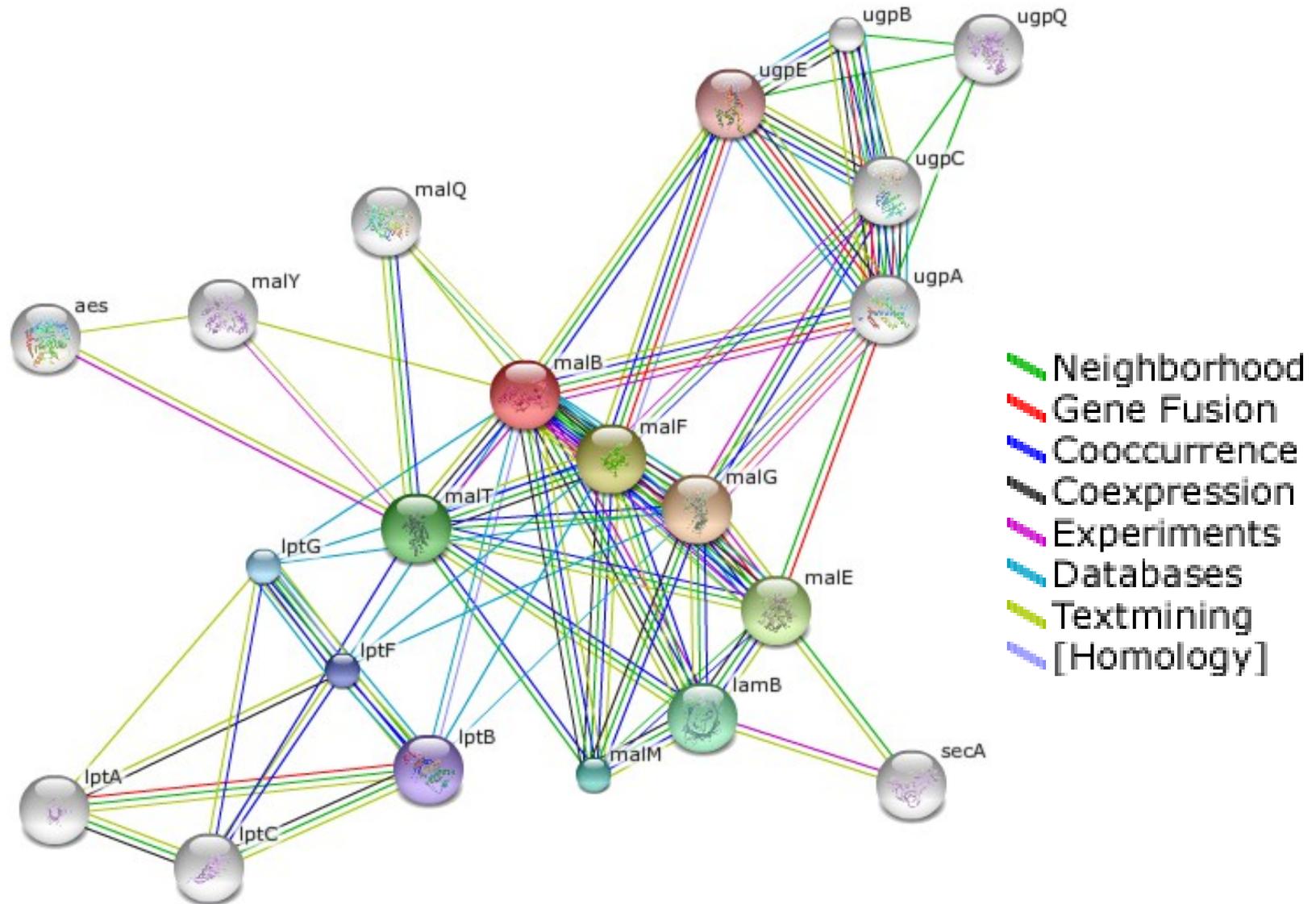
Graphes



- Exploitation des références (croisées)
 - ◆ interconnexion
 - ◆ schéma unifié matérialisé : entrepôt
 - ◆ schéma unifié virtuel : médiateur
- Modélisation
- Statistiques
- Confrontation visuelle, exploratoire
- Exploitation de la notion de voisinage
 - ◆ exploration
 - ◆ recoupement
 - ◆ confrontation
 - ◆ fusion



Fusion : approche graphique



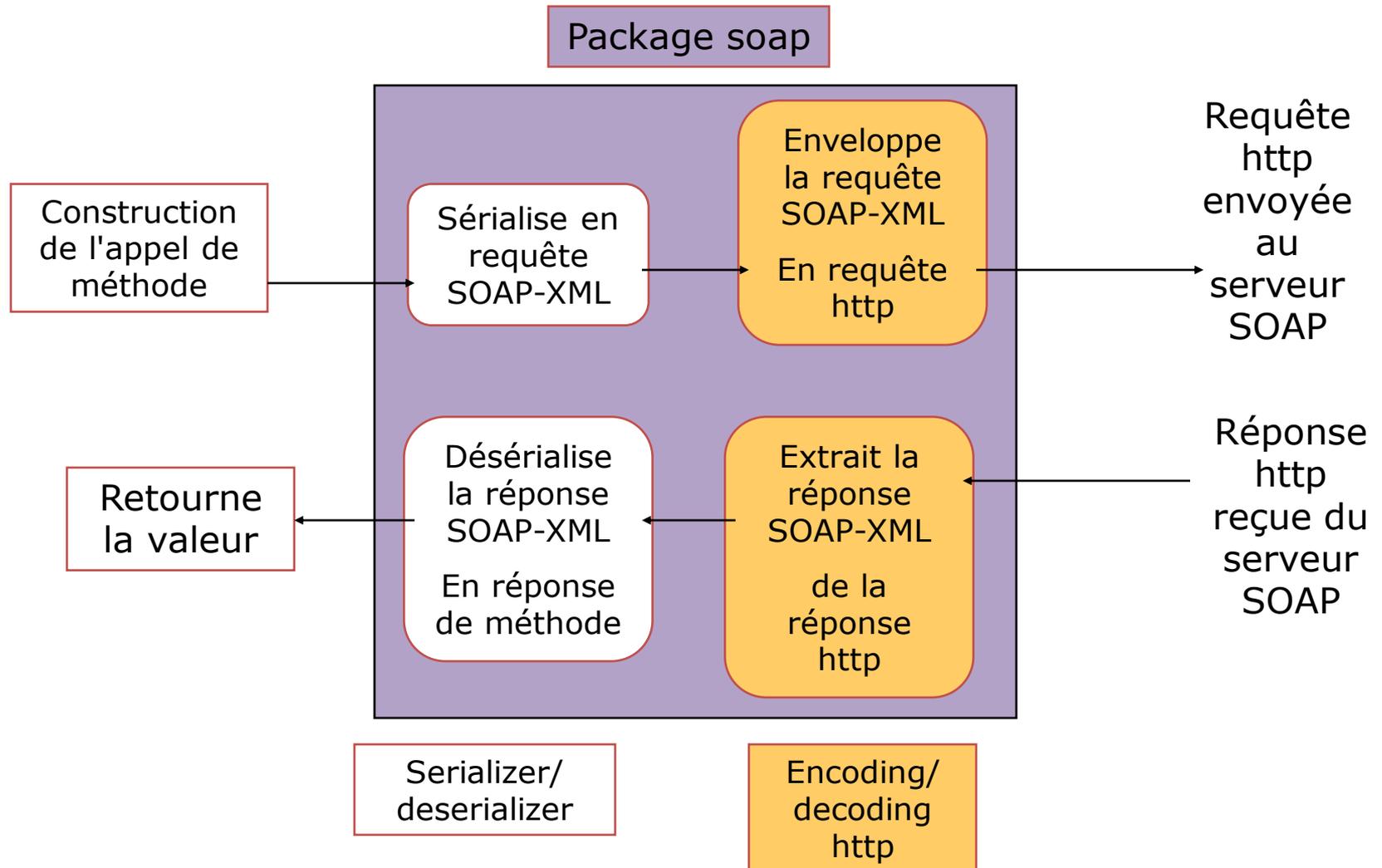
- Sémantique
 - ◆ Gene Ontology BP/KEGG pathways/BioCyc
 - ◆ structure d'un gène/peptide
- Modèle et format
 - ◆ SGBDr, SGBDoo, LDAP, fichier
 - schémas, attributs et unités
 - ◆ XML, FASTA, EMBL/GenBank, SWISSPROT
- Architecture et accès
 - ◆ SGBD, SOAP, REST, pipeline (galaxy, ergatis)

- Hétérogénéité des systèmes et des représentations
- Besoin de standards
- Une solution :
 - ◆ Format d'échange : XML
 - ◆ Protocole d'accès : services Web

- Principe
 - ◆ appel de procédure à distance
 - ◆ permet de faire communiquer différents systèmes (plateforme, OS, langage de programmation, ...) à travers XML
 - ◆ un fournisseur propose certaines fonctionnalités
 - ◆ description du mode d'accès à ces fonctions : WSDL (Web Service Description Language)
 - ◆ protocole de communication : SOAP (Simple Object Access Protocol)
 - couche transport (HTTP, SMTP, POP3, IMAP, ...)
 - représentation XML : encodage/décodage des données

- Côté fournisseur :
 - ◆ serveur : Web, SMTP ou autre
 - ◆ ex: script CGI (apache-perl-SOAP)
- Côté client :
 - ◆ de nombreuses bibliothèques disponibles
 - perl, ruby, python, Java, ...

- Processus Client avec binding http



- Processus Serveur avec binding http

