TRAITEMENT D'IMAGES EN BIOLOGIE

au GReD

Pierre Pouchin

Le GReD

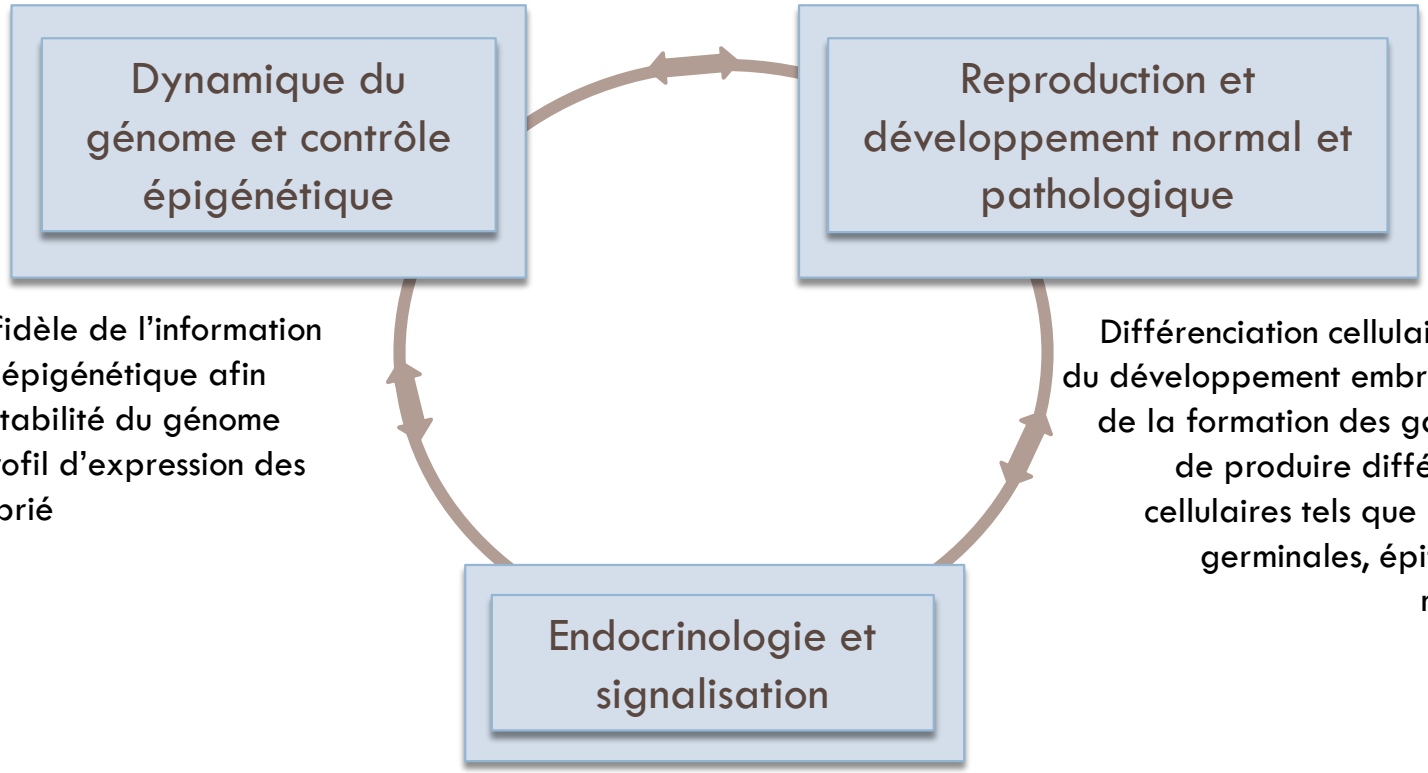
Génétique, Reproduction et Développement

GReD

- **G**énétique, **R**eproduction **et** **D**éveloppement
- UMR 6293 CNRS / U1103 INSERM / UBP / UdA
- 133 personnes dont :
  - 49 chercheurs / enseignants-chercheurs
  - 15 post-doctorants
  - 29 doctorants
- 10 équipes
- 3 axes de recherche
- 4 plates-formes technologiques

GReD
GENETIQUE REPRODUCTION & DEVELOPPEMENT

Recherche



Transmission fidèle de l'information génétique et épigénétique afin d'assurer la stabilité du génome ainsi qu'un profil d'expression des gènes approprié

Différenciation cellulaire au cours du développement embryonnaire et de la formation des gamètes afin de produire différents types cellulaires tels que des cellules germinales, épithéliales ou musculaires.

Voies de signalisation impliquées dans l'initiation et la progression tumorale (prostate, glandes surrénales, cerveau, moelle osseuse) ainsi que dans l'établissement du désordre métabolique (obésité, hypofonction testiculaire).

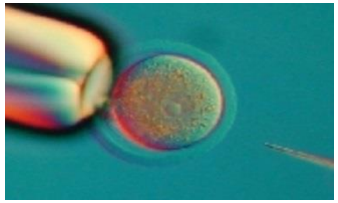
Plates-formes

Transgénèse de souris

www.gred-clermont.fr

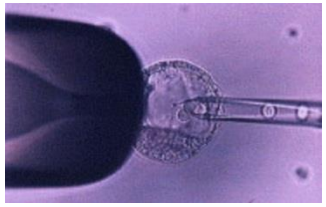
Micro-injection (Zeiss)

oocyte
(embryon 1 cellule)



Transgénèse substitutive

Leica ASTP MIXTE



blastocyste
(embryon 20-40 cellules)

Transgénèse de drosophiles

www.fly-facility.com

FLY FACILITY

Plates-formes

Histopathologie du petit animal

www.gred-clermont.fr

Fournit une analyse complète d'échantillons :

- préparation initiale
- marquage histologique
- hybridation *in situ*
- immuno-histochimie

Microscopie confocale

www.iccf.fr

4 microscopes confocaux sont disponibles :

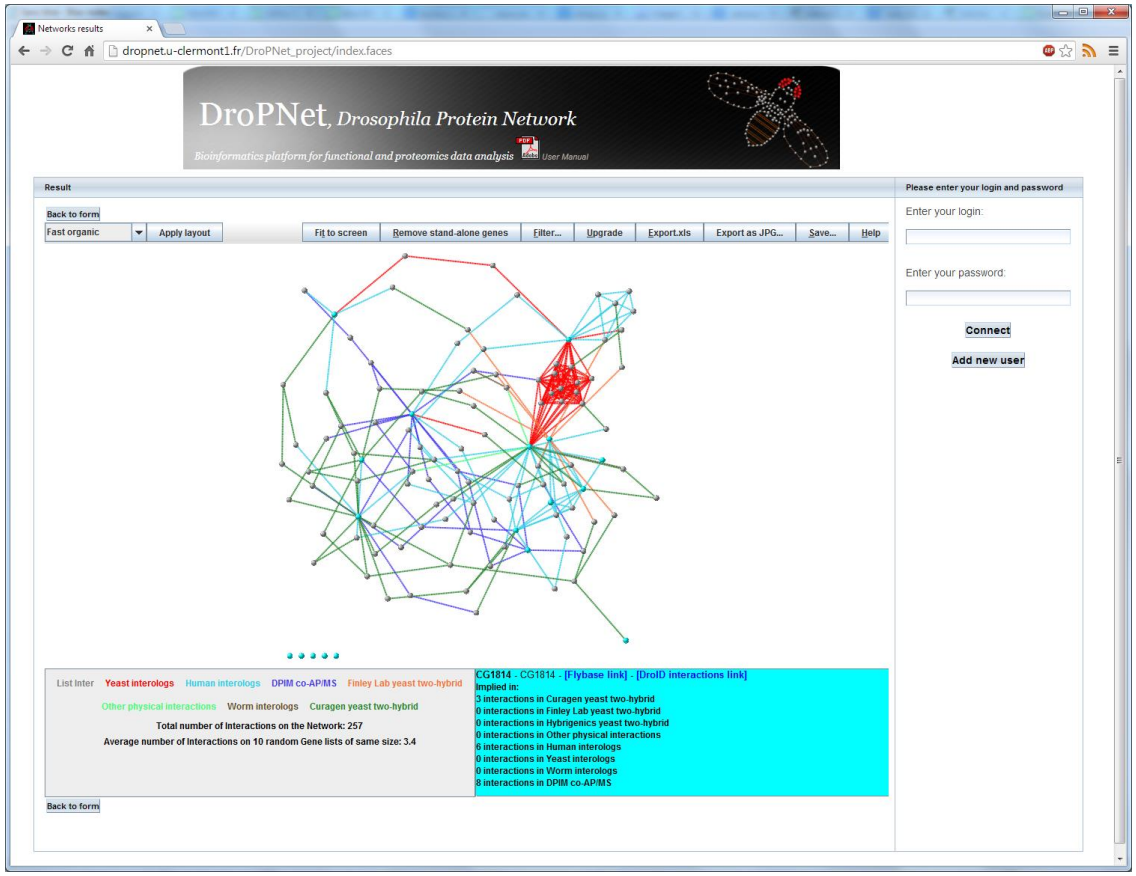
- Zeiss LSM510 meta
- Leica SPE
- Leica SP5 avec bi-photon et STED
- Loupe Leica LSI

Un microscope à fluorescence CellR est disponible.
Des outils d'analyse d'images sont accessibles.

Liens avec d'autres laboratoires

- LPC : foci
- LIMOS : DropNet
- CIDAM : analyse de données (génomique)
- INRA : génomique plantes
- Laboratoire de chimie : cancer de la prostate
- CHU, centre Jean Perrin : échantillons
- Institut Pascal : modélisation mécanique
- Mais aussi Limagrain et Michelin

DropNet

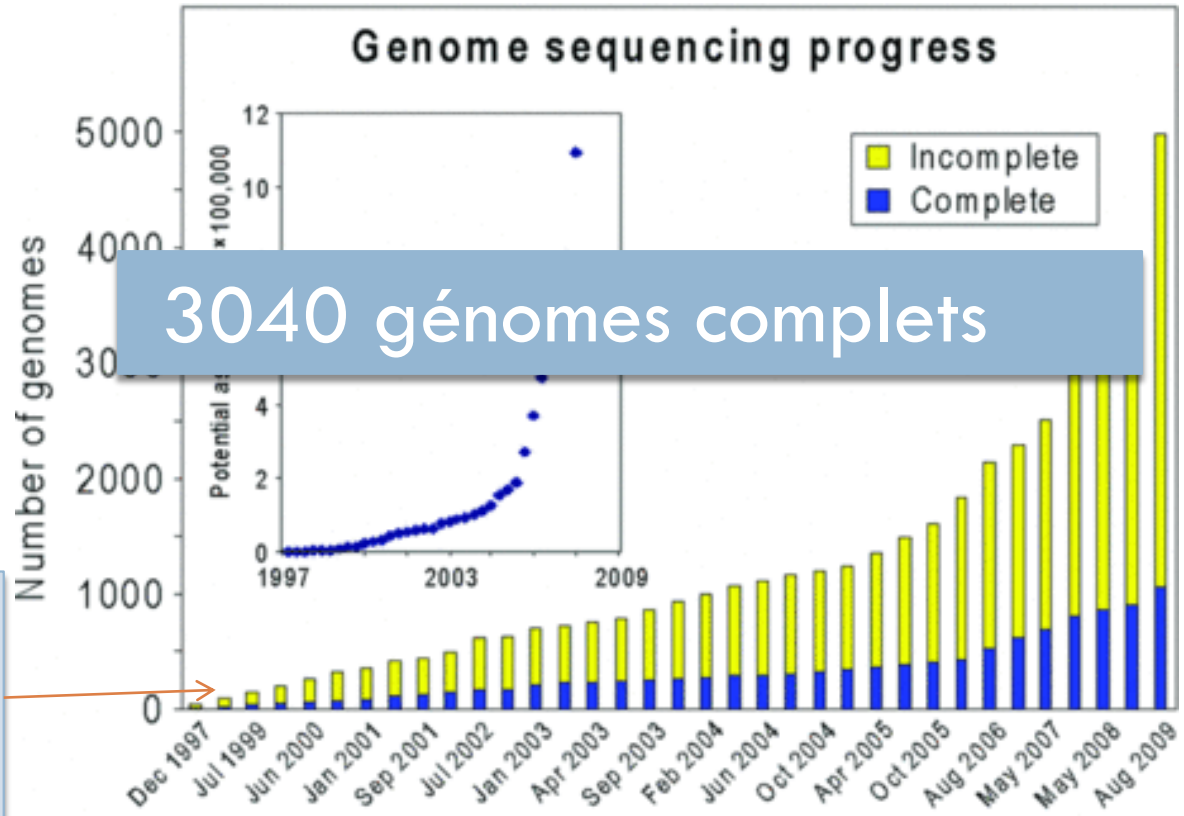


Développé en partenariat avec le Limos

Production de données

Génomique

Bilan des projets génomes en 2012

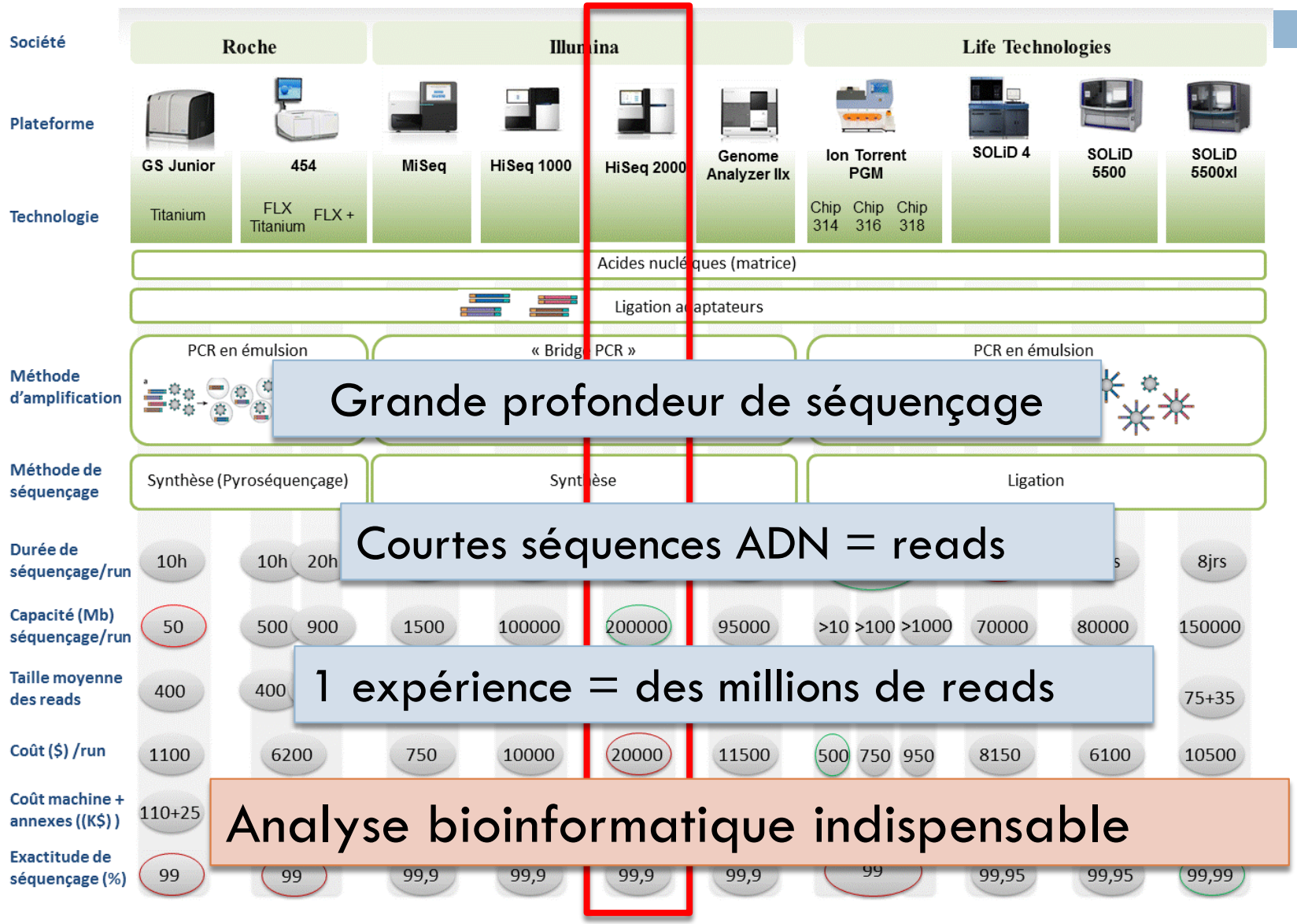


3040 génomes complets

1998 : début du séquençage du génome humain

Les gènes ne représentent qu'une faible proportion de l'ADN de certains génomes

Génomique



Grande profondeur de séquençage

Courtes séquences ADN = reads

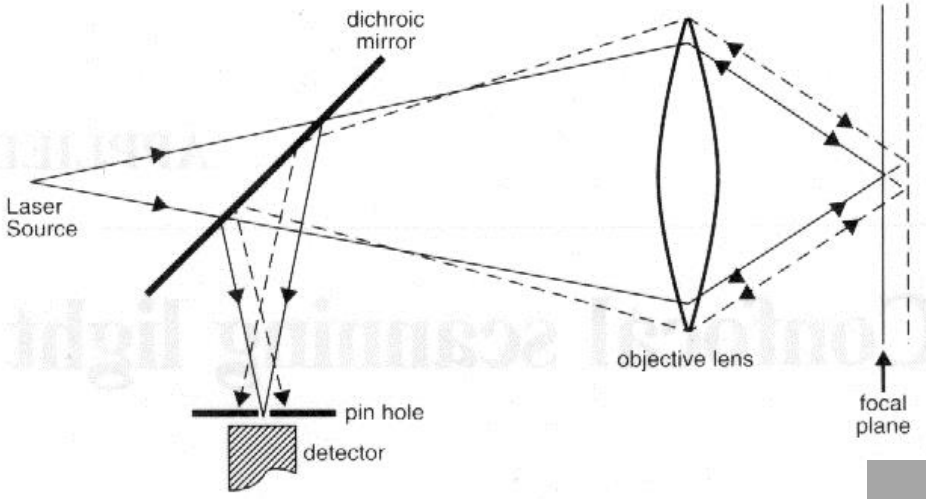
1 expérience = des millions de reads

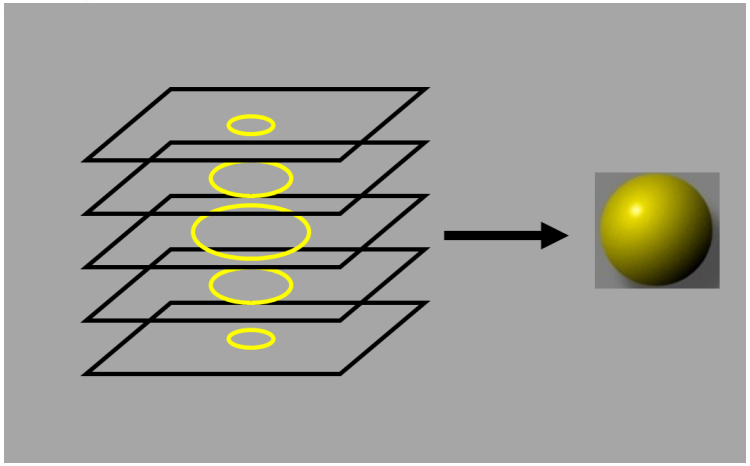
Analyse bioinformatique indispensable

Microscopie confocale

- 4 microscopes confocaux (LSM510, SP5, SPE, SP8)
- 1 macroscope confocal (Loupe LSI)

Microscopie confocale





GRED
GENETIQUE REPRODUCTION & DEVELOPPEMENT

Chantal VAURY *Director*
Joël DREVET *Associate Director*

F. TEILLET *Administrator*

RECHERCHES

Genome dynamics & Epigenetic control

Team 1: O. MATHIEU *« SIL.ENT – Silencing, Environment & Transposons »*
Team 2: S. TOURMENTE *« Establisment, Maintenance & Transciptional Regulation of heterochromatin »*
TEAM 3: C. VAURY *« Genetic instabilities and control by the host genome »*
Team 4: C. WHITE *« Recombination and maintenance of genome integrity »*

Reproduction and development in health & disease

Team 5: P. ARNAUD & C. CHAZAUD *« Genetic and epigenetic control of cell lineage commitment during mouse development »*
Team 6: J. DREVET *« Mechanisms of mammalian post-testicular infertility »*
Team 7: K. JAGLA *« Diversification of Muscle and Heart cells in development and in Pathological conditions »*
Team 8: V. MIROUSE *« Epithelial Growth and Morphogenesis »*

Endocrinology, Signalling, Cancer

Team 9: J-M. LOBACCARO *« Lipids, Nuclear receptors and Male disorders »*
L. MOREL *« Hormone signalling and protate cancer »*
Team 10: A. MARTINEZ *« Adrenal tumourigenesis & Adipose tissue homeostasis »*

ADMINISTRATION

Secretary & Resource managment

N. BOUHALOUANE – UdA
M. BRUNEL – CNRS
A. LEYRELOUP - INSERM
M-J. MARTINEZ – UBP
M-D. De la MORINERIE – INSERM

Inventory

N. BOUHALOUANE
M-J. MARTINEZ
M-D. De la MORINERIE

Lab resource managment

I. BARNOLA
F. PELISSIER

Maintenance

N. GUEGUEN

SERVICES

ACMO

I. BARNOLA, A. PROBST
C. BELVILLE, J-P. DA PONTE

Informatics support (WEB Development, CSII, analysis)

P. POUCHIN, P. VAL

Common service

M. BUISINE, E. GOMEZ ,
A. De SOUSA, F. PELISSIER,
C. PLEVER

International Relationship

E. BRASSET

Radioactivity

G. RICHARD

Training coordination

J. HENRI-BERGER
M-D. De la MORINERIE

Technical tray plants

E. ALLAIN

PLATEFORMS

Anipath

P. VAL, C. DAMON

Confocal Microscopy

K. JAGLA, J-L. COUDERC, C. VACHIAS

Mouse Transgenesis

A-M. LEFRANCOIS, A. MARTINEZ

Drosophila transgenesis

T. JAGLA, J-P. DA PONTE

Déploiement d'outils

… et formations

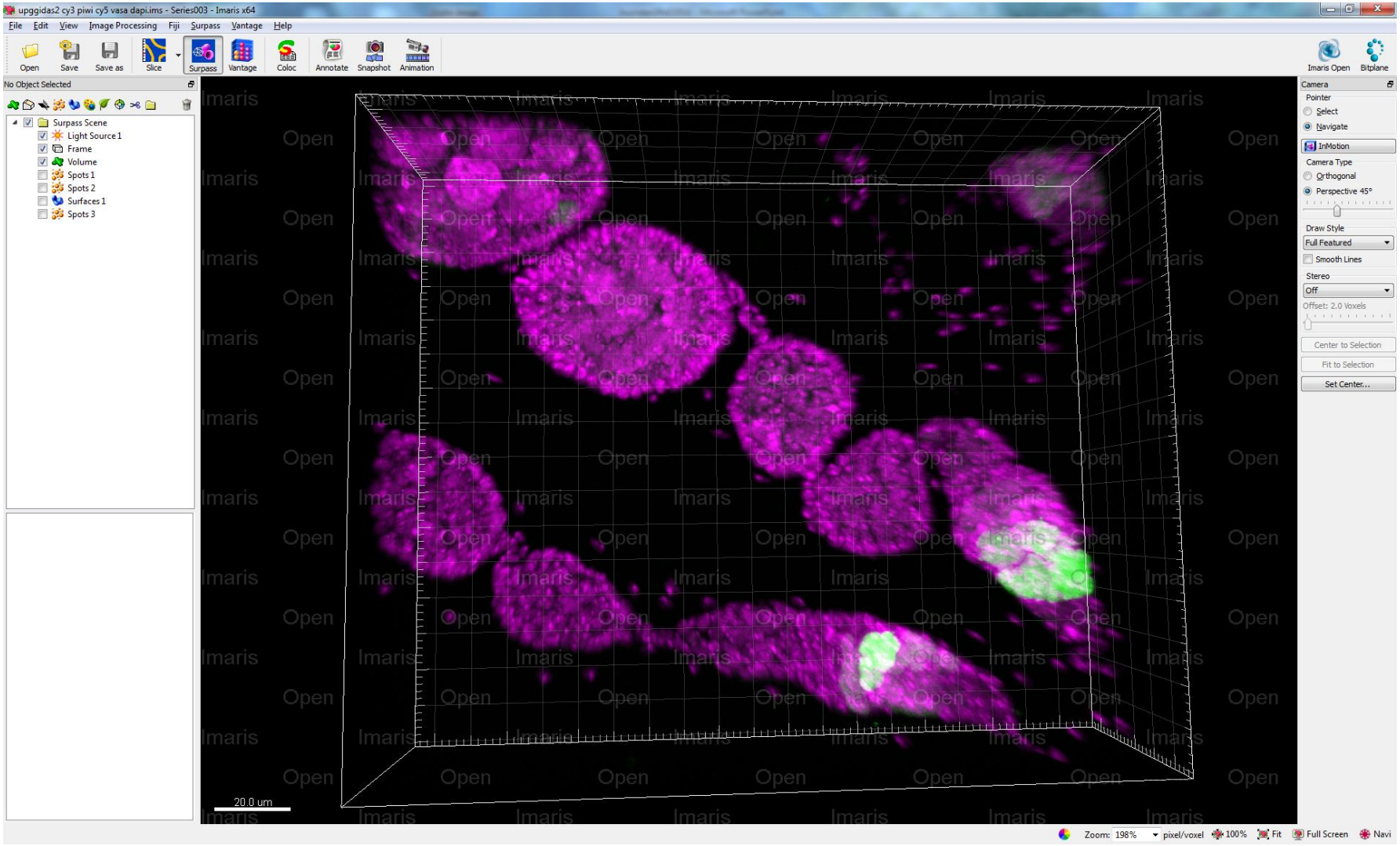
Administration

- BDD personnel/bibliométrie
- Synchronisation LDAP
- Gestion de réservations
- Sécurisation des serveurs

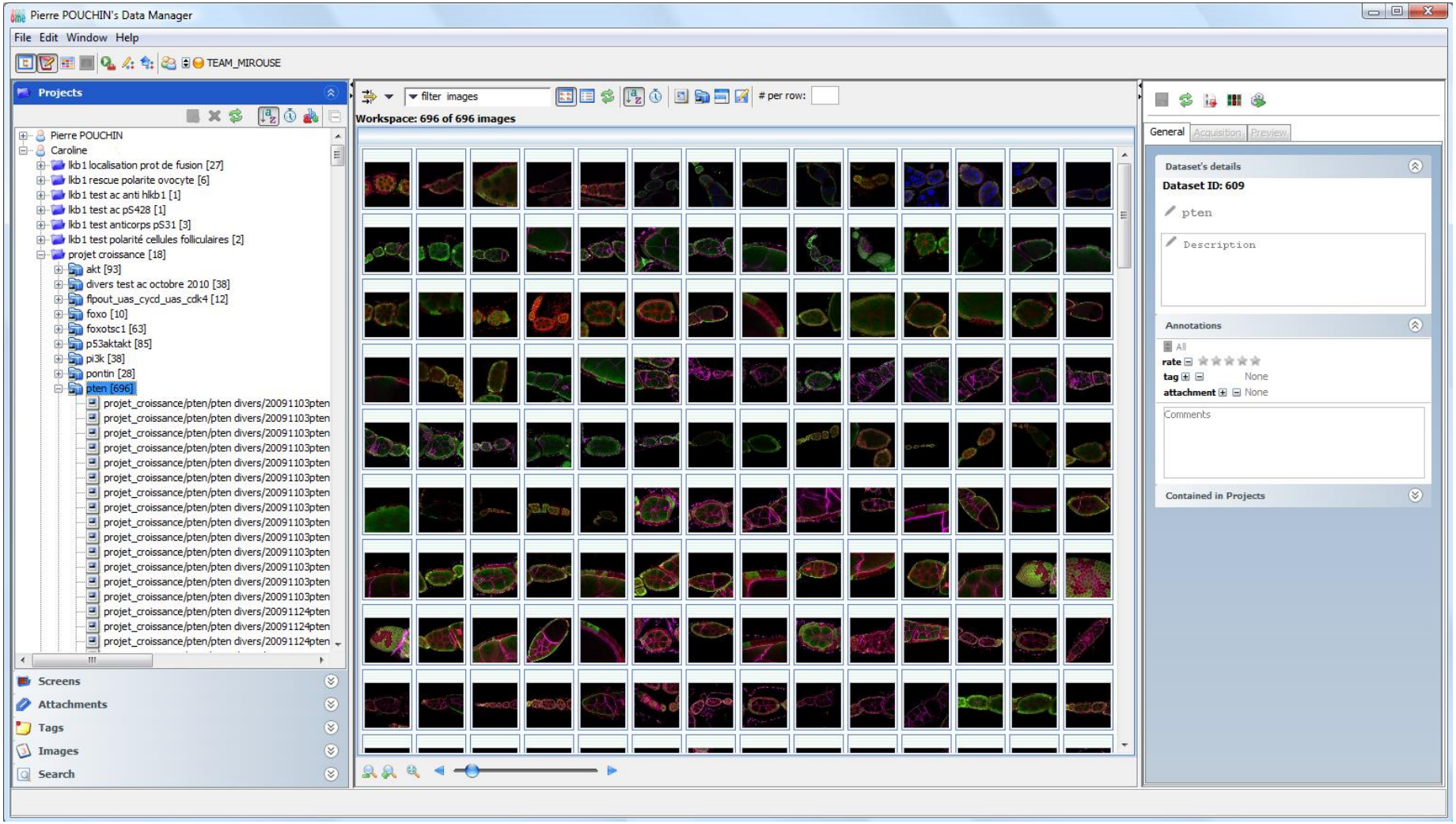
Stations de travail

- 2 stations d'analyse d'images
  - Fiji, Imaris, Volocity
  - Matlab

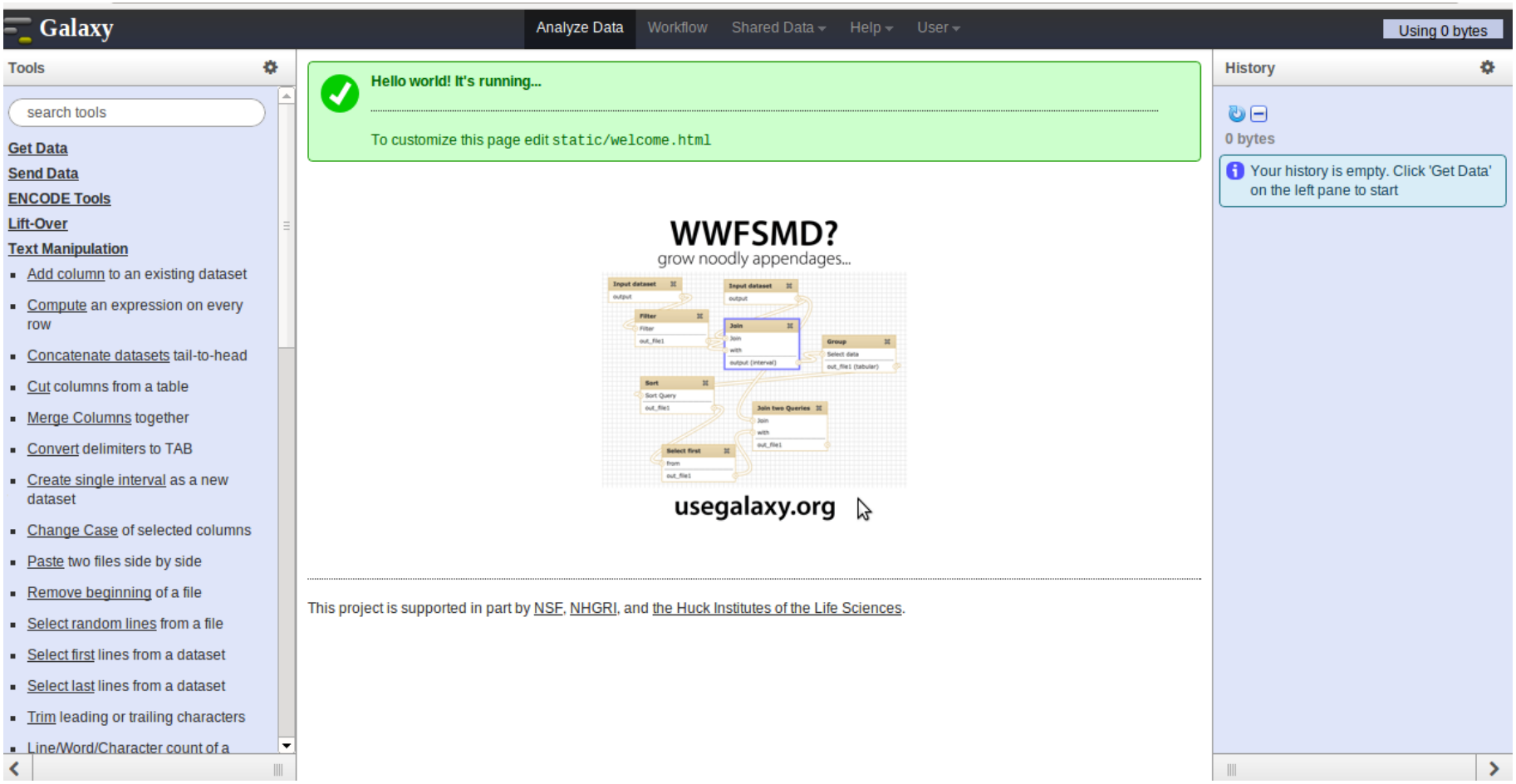
Imaris


upggidas2 cy3 piwi cy5 vasa dapi.ims - Series003 - Imaris x64
File Edit View Image Processing Fiji Surpass Vantage Help
Open Save Save as Slice Surpass Vantage Coloc Annotate Snapshot Animation
Imaris Open Bitplane
No Object Selected
Surpass Scene
Light Source 1
Frame
Volume
Spots 1
Spots 2
Surfaces 1
Spots 3
Camera
Pointer
Select
Navigate
InMotion
Camera Type
Orthogonal
Perspective 45°
Draw Style
Full Featured
Smooth Lines
Stereo
Off
Offset: 2.0 Voxels
Center to Selection
Fit to Selection
Set Center...
20.0 um
Zoom: 198%
pixel/voxel
100%
Fit
Full Screen
Navi

OMERO


Pierre POUCHIN's Data Manager
File Edit Window Help
TEAM_MIROUSE
Projects
Pierre POUCHIN
Caroline
lkb1 localisation prot de fusion [27]
lkb1 rescue polarite ovocyte [6]
lkb1 test ac anti hlkb1 [1]
lkb1 test ac pS428 [1]
lkb1 test anticorps pS31 [3]
lkb1 test polarité cellules folliculaires [2]
projet croissance [18]
akt [93]
divers test ac octobre 2010 [38]
flpout_uas_cycd_uas_cdk4 [12]
foxo [10]
foxotsc1 [63]
p53aktakt [85]
pi3k [38]
pontin [28]
pten [696]
projet_croissance/pten/pten divers/20091103pten
projet_croissance/pten/pten divers/20091124pten
Screens
Attachments
Tags
Images
Search
filter images
per row:
Workspace: 696 of 696 images
General
Acquisition
Preview
Dataset's details
Dataset ID: 609
pten
Description
Annotations
All
rate
tag
None
attachment
None
Comments
Contained in Projects

Galaxy

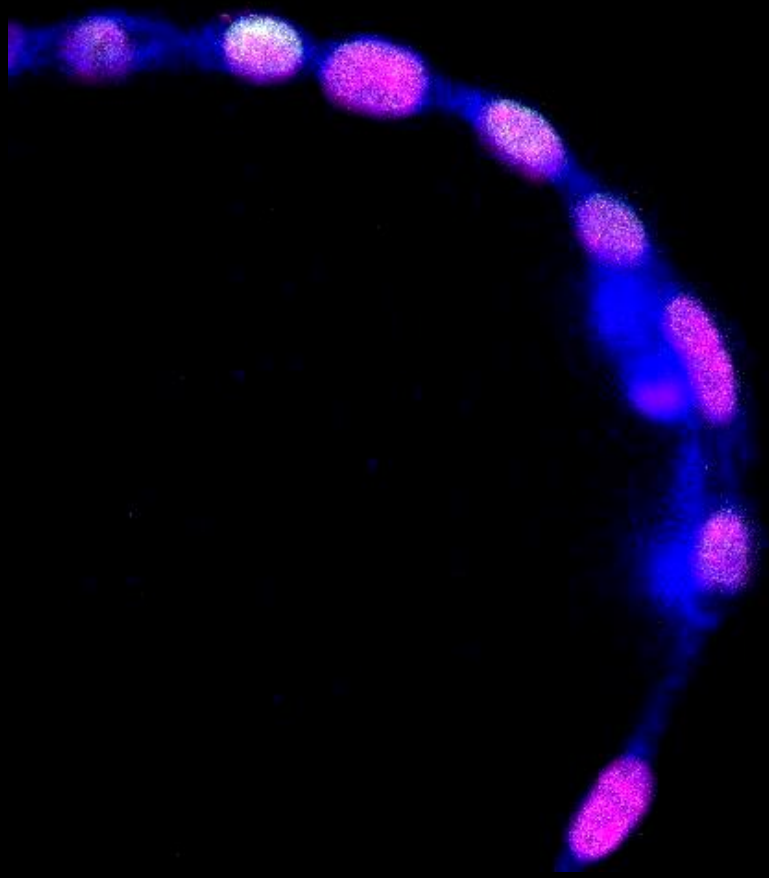

Galaxy
Analyze Data
Workflow
Shared Data
Help
User
Using 0 bytes
Tools
search tools
Get Data
Send Data
ENCODE Tools
Lift-Over
Text Manipulation
Add column to an existing dataset
Compute an expression on every row
Concatenate datasets tail-to-head
Cut columns from a table
Merge Columns together
Convert delimiters to TAB
Create single interval as a new dataset
Change Case of selected columns
Paste two files side by side
Remove beginning of a file
Select random lines from a file
Select first lines from a dataset
Select last lines from a dataset
Trim leading or trailing characters
Line/Word/Character count of a
Hello world! It's running...
To customize this page edit static/welcome.html
WWFSMD?
grow noodly appendages...
usegalaxy.org
This project is supported in part by NSF, NHGRI, and the Huck Institutes of the Life Sciences.
History
0 bytes
Your history is empty. Click 'Get Data' on the left pane to start

Analyse d’images

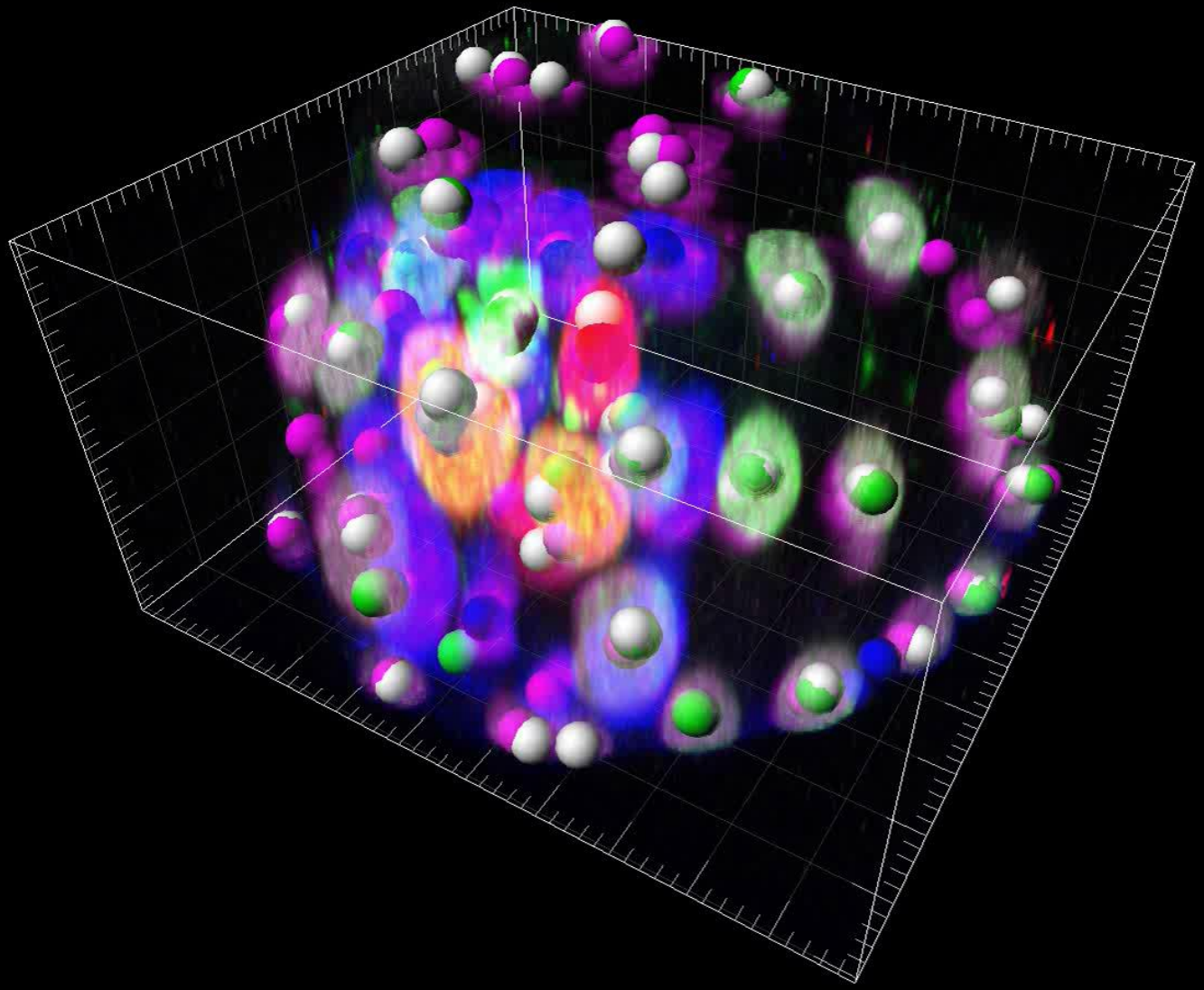
Imagerie

- *Contrôle génétique et épigénétique de la détermination cellulaire pendant le développement* (Claire Chazaud)
- *Morphogénèse et croissance épithéliales* (Vincent Mirouse)

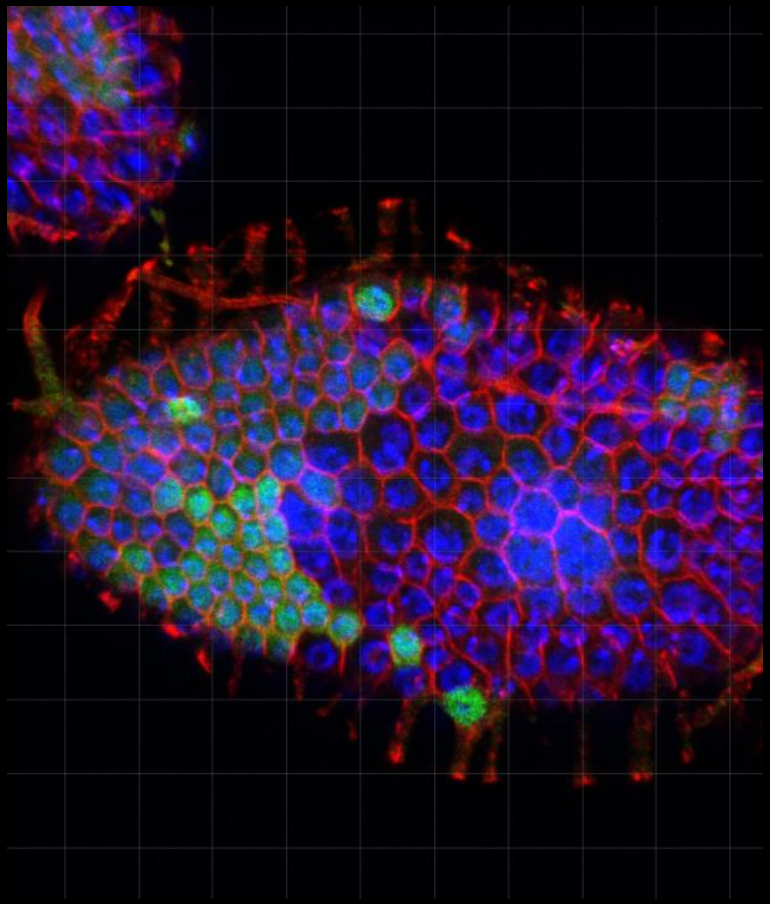
Différenciation précoce dans l'embryon de souris

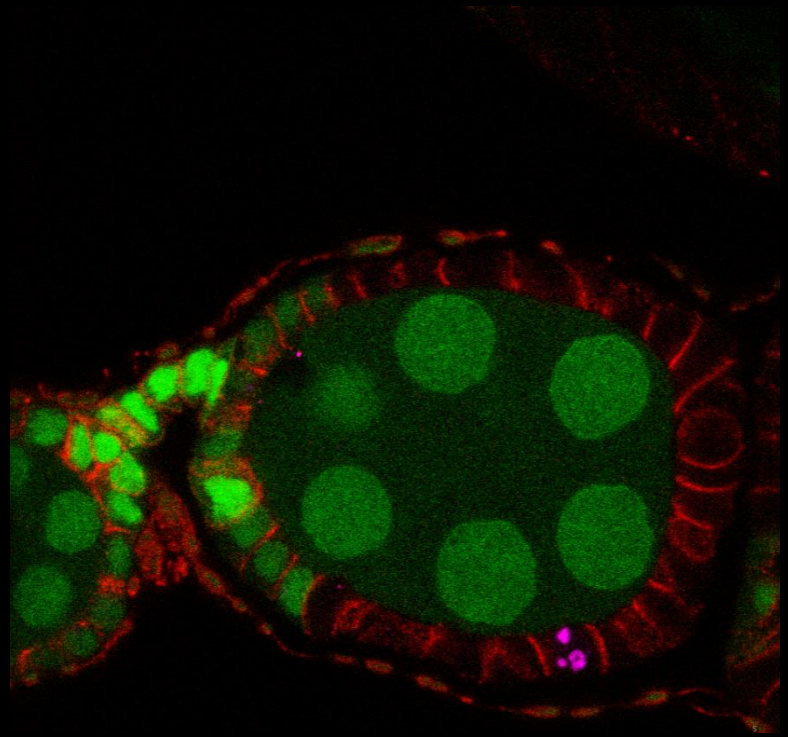


Colocalisation

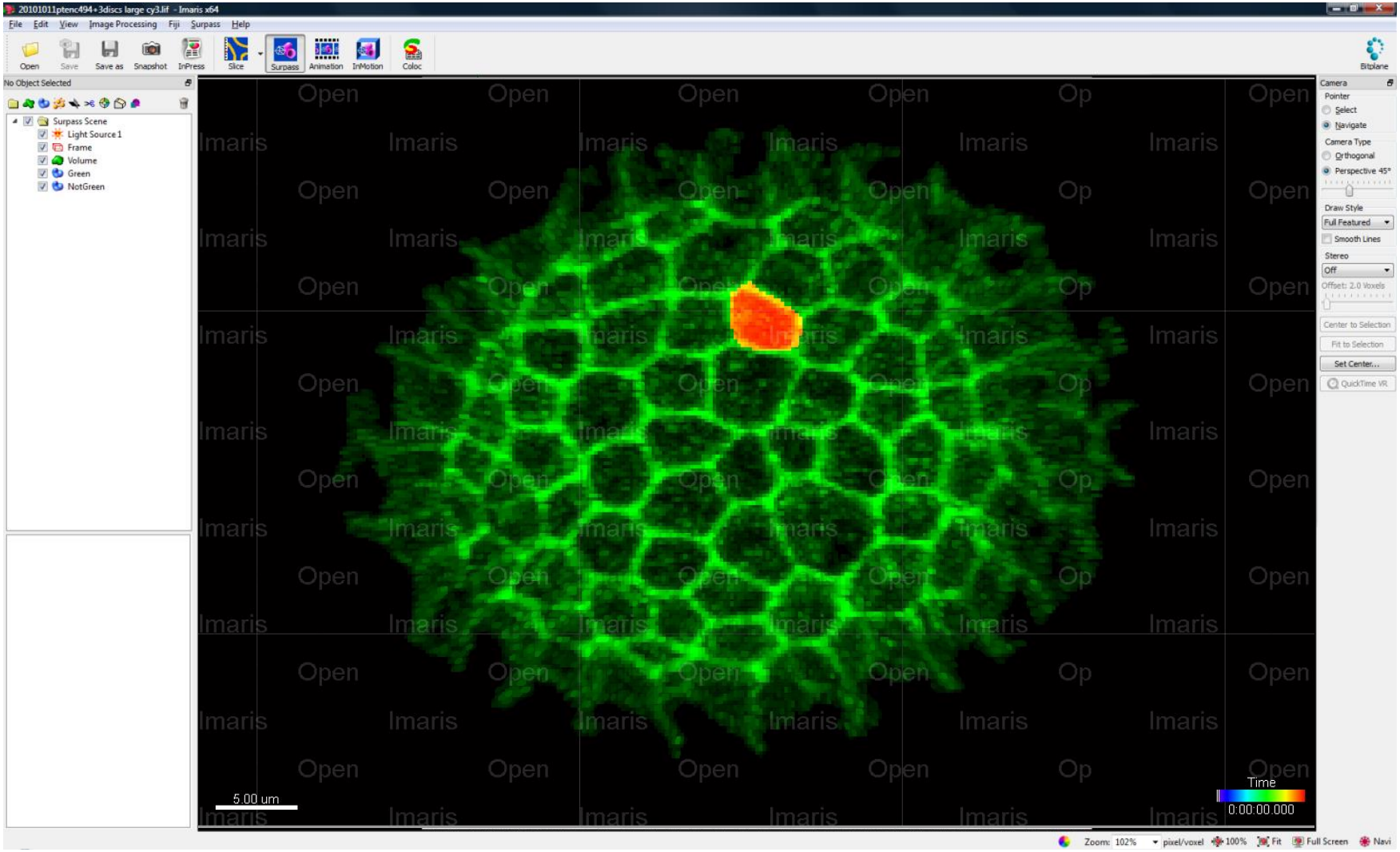


Etude de la coordination de la croissance et du développement entre 2 tissus

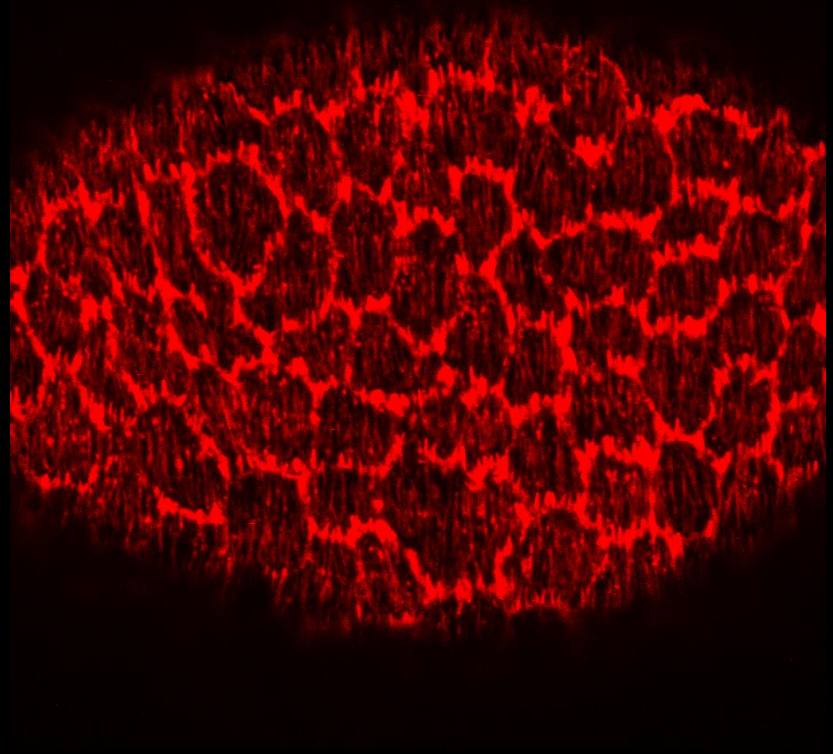


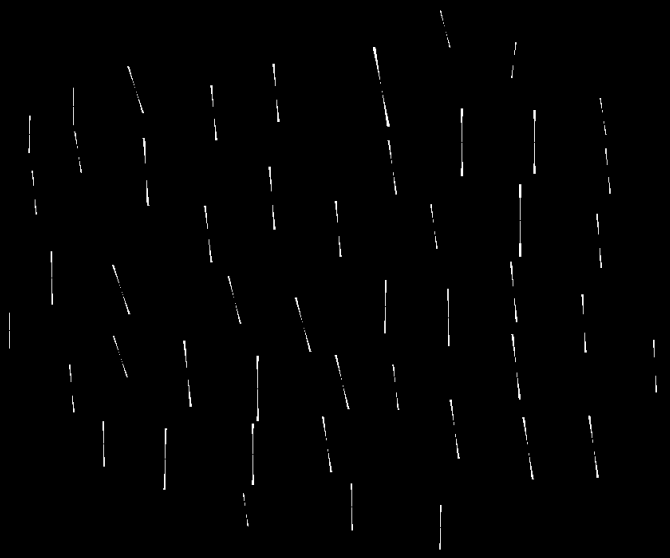


Segmentation de cellules

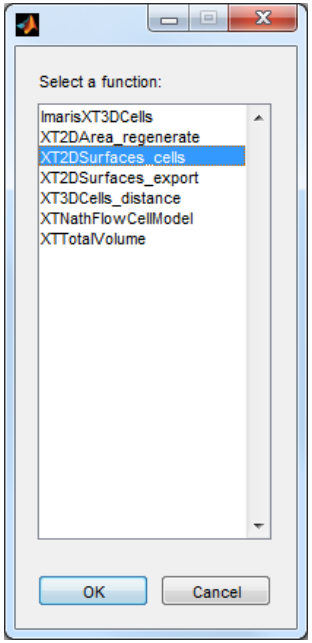


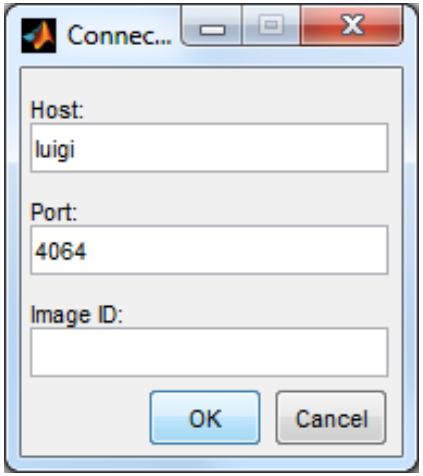
Orientation de fibres de collagène





Mais aussi…



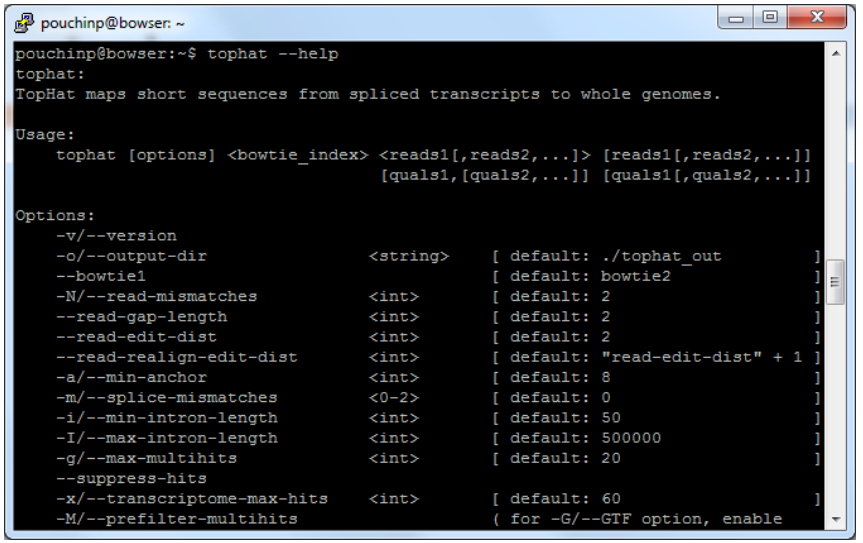


- Automatisation d'exécution de scripts Imaris
- Ouverture d'images depuis OMERO (via Matlab)
- Analyse de biofilms, FISH, …

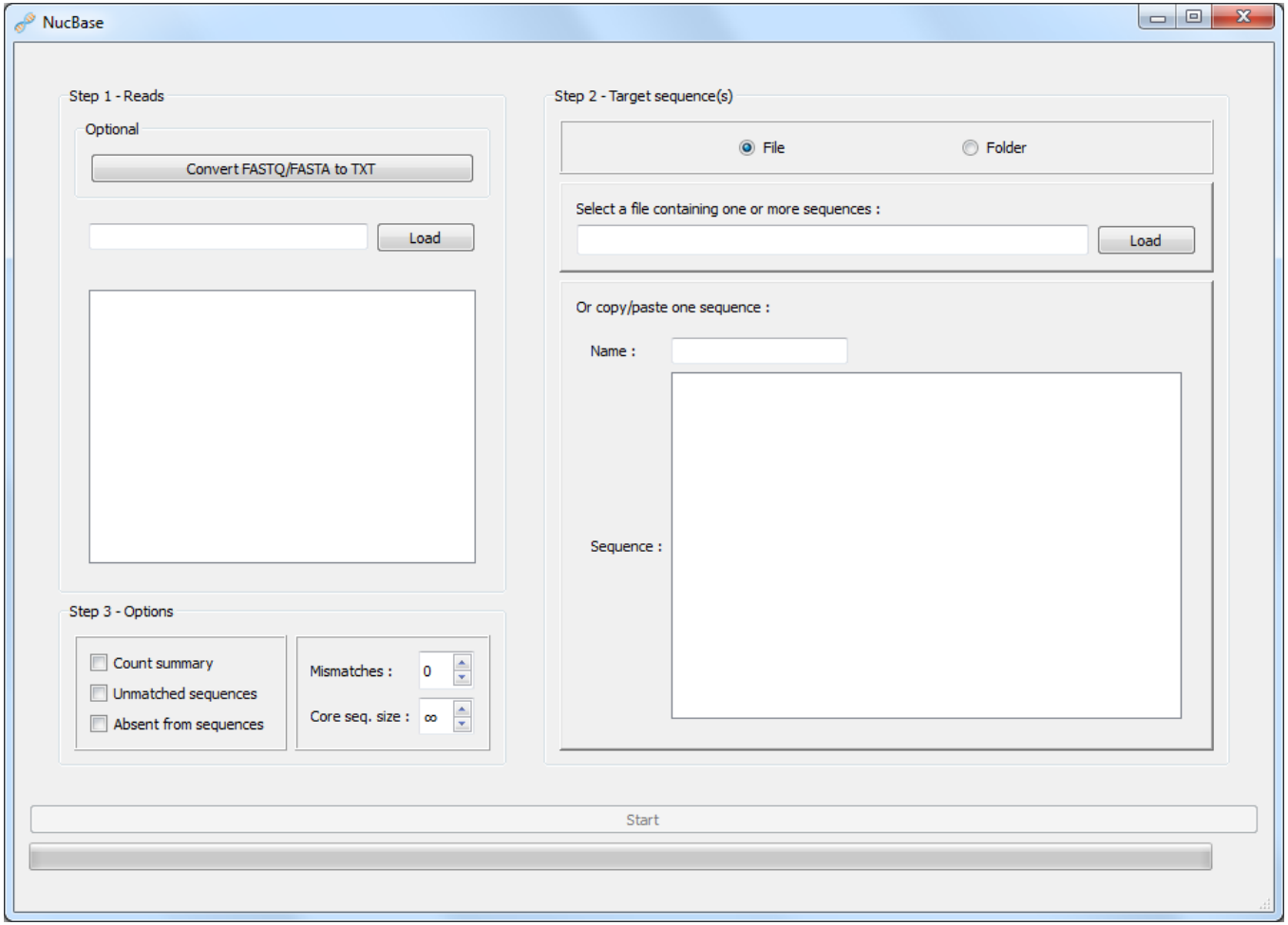
Analyse de données

Analyses

- Alignement
  - Bowtie
- Épissage alternatif
  - Tophat
- Expression différentielle
  - Cufflinks



NucBase


NucBase
Step 1 - Reads
Optional
Convert FASTQ/FASTA to TXT
Load
Step 2 - Target sequence(s)
File
Folder
Select a file containing one or more sequences :
Load
Or copy/paste one sequence :
Name :
Sequence :
Step 3 - Options
Count summary
Unmatched sequences
Absent from sequences
Mismatches :
0
Core seq. size :
∞
Start

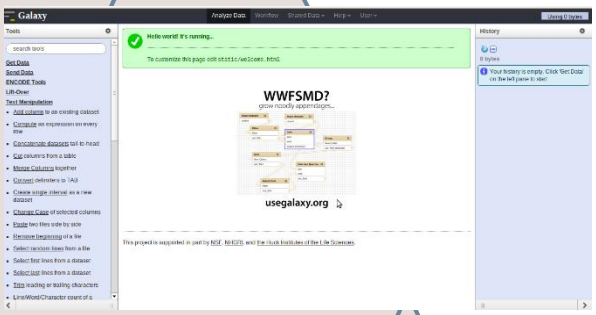
Et après ?

Au-delà du traitement…

Perspectives

Fichiers

Analyse



Cloud

Images

Analyse