



BioSide

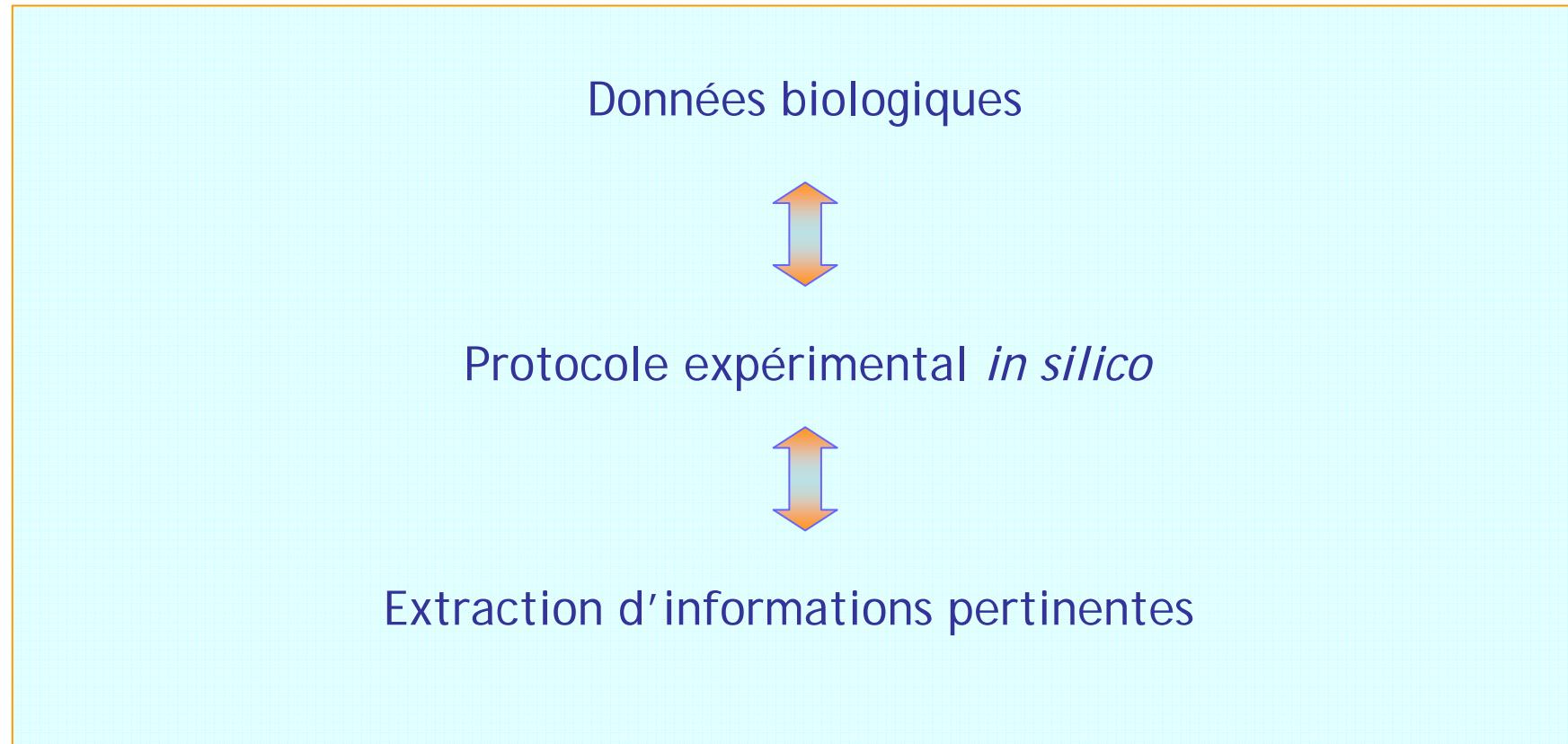
Aide et assistance à l'expérimentation *in silico* en Biologie

Bailly Xavier^{1,2}, Sébastien Bigaret², Phillipe Tanguy², Olivier Collin¹ et Philippe Picouet²

1. Station Biologique de Roscoff, Place Georges Teissier, 29680 Roscoff, France

2. ENST Bretagne, Technopole Brest Iroise, 29238 Brest, France

Le schéma idéal



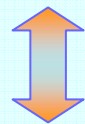
L'analyse *in silico* des données biologiques

Croissance exponentielle des données biologiques

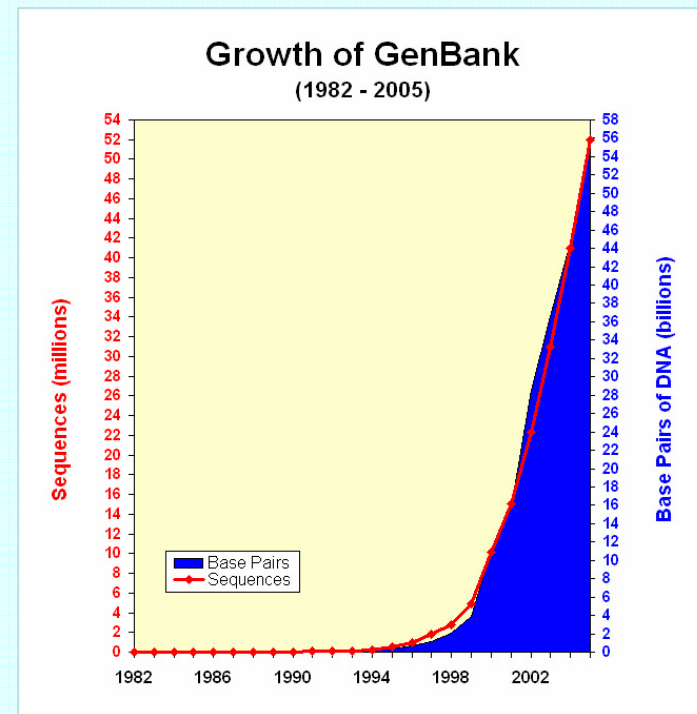
Données biologiques



Protocole expérimental *in silico*

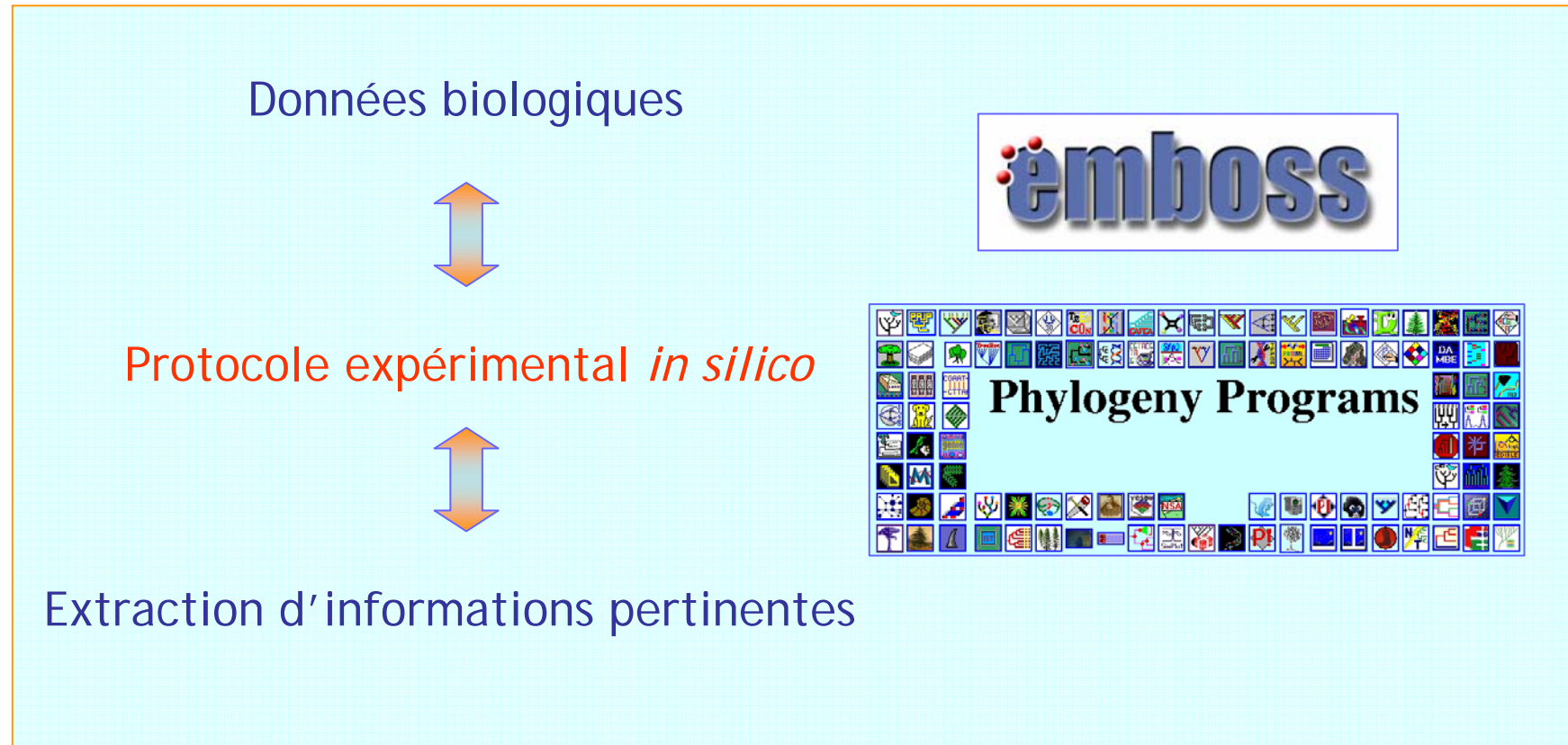


Extraction d'informations pertinentes



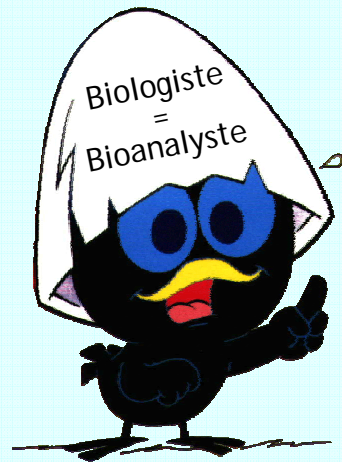
L'analyse *in silico* des données biologiques

Profusion et dispersion des programmes bioinformatiques



Contraintes opérationnelles de l'analyse *in silico* pour le biologiste

Le biologiste ne peut pas maximiser l'utilisation des ressources bioinformatiques



L'utilisateur

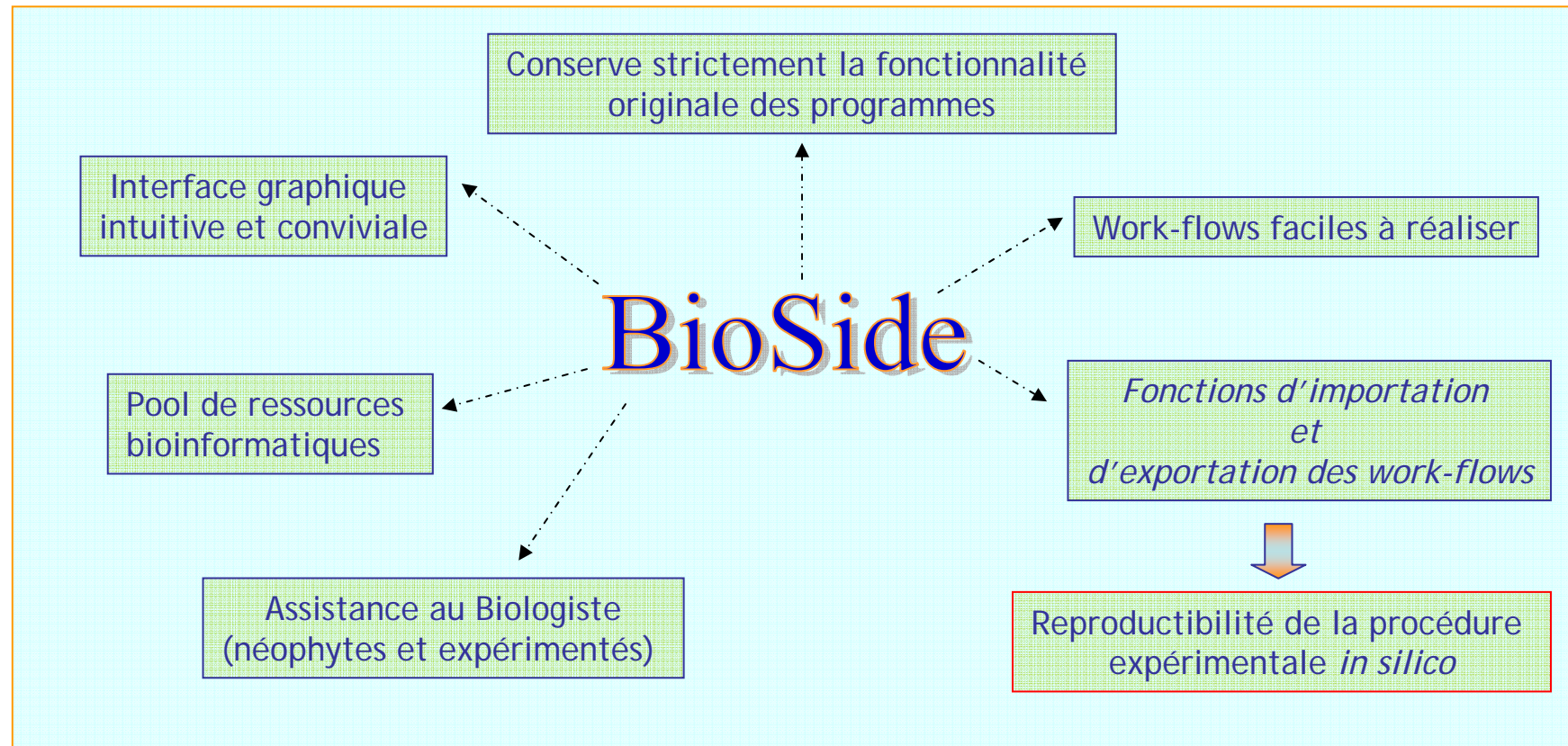
- Interfaces peu ou pas conviviales et intuitives
- Work-flows de plus en plus complexes
- Nombreux fichiers, résultats, formats intermédiaires



Sous-utilisation des ressources bioinformatiques
et dépréciation didactique

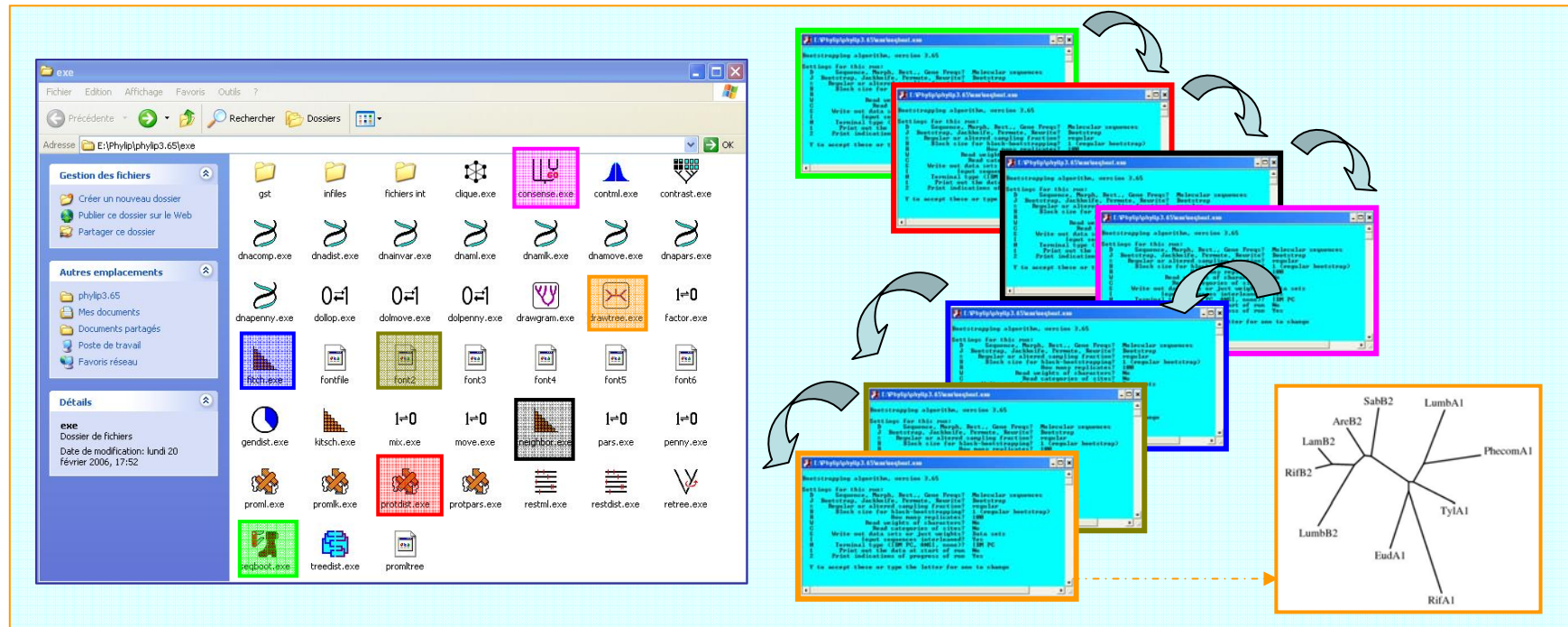
Nouvelle interface bioinformatique dédiée à l'analyse des données biologiques

Capitalisation des connaissances et des ressources bioinformatiques



Exemple : la suite de programmes Phylip sans BioSide

Reconstruction phylogénétique : évolution des hémoglobines d'annélides



Long processus d'apprentissage puis d'utilisation pour le biologiste

Démo

Possibilité de voir la démo (animation Flash): <http://candle.enst-bretagne.fr/bioside/>

ou sur requête auprès de Xavier Bailly bailly@sb-roscoff.fr