Contenu archivé le 2024-05-27

The european molecular biology linked original resources (TEMBLOR)

Résultats en bref

Un nouvel outil d'information pour les chercheurs travaillant avec les biopuces

Les recherches en biologie moléculaire ont permis d'obtenir de nombreux résultats scientifiques à travers toute l'Europe, mais, il n'existait jusqu'à présent aucun référentiel public permettant de partager ces données. ArrayExpress est une base de données qui repose sur la technologie Oracle et qui permet aux scientifiques d'accéder aux données obtenues sur les biopuces à ADN, ces instantanés du niveau d'expression des gènes à l'échelle de la génomique.

SANTÉ

© Shutterstock

Sous l'égide de l'UE, le projet TEMBLOR a créé des connexions entre différentes ressources de données afin de faciliter les recherches en biologie moléculaire effectuées à travers l'Europe. Son objectif était de combiner les forces des différents groupes européens travaillant sur de nombreux aspects de classification et de caractérisation de gènes et de protéines et permettre ainsi d'améliorer l'interopérabilité des bases de données biologiques.

Dans le cadre de ce projet, ArrayExpress a été conçu comme un référentiel public où les données d'expression génétique obtenues à partir des biopuces à ADN peuvent

être consultées. La technologie des biopuces utilise les séquences génétiques obtenues à partir des projets de génomique pour tenter de répondre à la question suivante: «Quels gènes sont exprimés dans ce type d'organisme, à un moment donné et dans certaines conditions?». Les biopuces ADN sont maintenant considérées comme étant l'une des avancées les plus importantes réalisées dans le domaine des sciences de la vie expérimentales.

La technologie ArrayExpress se compose de la base de données elle-même, d'un chargeur de données et d'une interface d'accès aux données. Elle fonctionne sous Oracle. Toutefois, très peu de fonctions spécifiques à Oracle sont utilisées, ce qui permet le transfert sur d'autres systèmes de gestion de base de données (SGBD).

La connexion des bases de données va se faire par une catégorisation des ensembles d'objets classés de façon univoque par tableaux; de plus, chaque objet peut être distribué sur plusieurs tableaux en fonction de sa hiérarchie d'héritage. Certaines modifications du modèle objet ont été effectuées afin d'améliorer les performances des requêtes de recherche. Des informations complémentaires sont disponibles sur le site http://www.ebi.ac.uk/arrayexpress

Découvrir d'autres articles du même domaine d'application

Un nouveau biocapteur propose un test sérologique COVID-19 rapide et précis

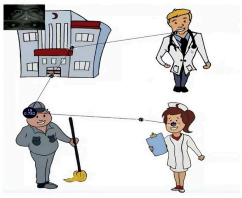
29 Mars 2022

Combattre la résistance aux médicaments chez les patients cancéreux

29 Janvier 2021

Des découvertes sur l'évolution permettent d'expliquer l'origine des organes

21 Octobre 2022



Décoder les troubles du langage dans l'aphasie

18 Juillet 2023

Informations projet

TEMBLOR

N° de convention de subvention: QLRI-CT-2001-00015

Projet clôturé

Date de début
1 Janvier 2002

Date de fin
30 Juin 2005

Financé au titre de
Specific Programme for research, technological development and demonstration on "Quality of life and management of living resources", 1998-2002

Coût total
€ 21 767 943,00

Contribution de l'UE
€ 19 381 552,00

Coordonné par
EUROPEAN MOLECULAR BIOLOGY LABORATORY
United Kingdom

Ce projet apparaît dans...

MAGAZINE RESEARCH*EU

Results Supplement No. 012

N° 12 FEVRIER 2009

MAGAZINE RESEARCH*EU

Results Supplement No. 017

N° 17 SEPTEMBRE 2009

MAGAZINE RESEARCH*EU

Results Supplement No. 012

N° 12 FEVRIER 2009

MAGAZINE RESEARCH*EU

Results Supplement No. 012

N° 12 FEVRIER 2009

Dernière mise à jour: 8 Decembre 2008

Permalink: https://cordis.europa.eu/article/id/84630-new-database-tool-for-microarray-researchers/fr

European Union, 2025