
DMP du projet "FLOWER-LAYER"

Plan de gestion de données créé à l'aide de DMP OPIDoR, basé sur le modèle "INRAE - Trame générique projet v1" fourni par INRAE - Institut national de recherche pour l'agriculture l'alimentation et l'environnement.

Renseignements sur le plan

Titre du plan	DMP du projet "FLOWER-LAYER"
Domaines de recherche (selon classification de l'OCDE)	
Langue	fra
Date de création	2020-10-22
Date de dernière modification	2020-10-28

Renseignements sur le projet

Titre du projet

FLOWER-LAYER

Résumé

How cells coordinate their growth and division to generate organs with defined shapes is a long-standing question in biology. In plants, organs are formed by clonally-distinct cellular layers that remain independent throughout organ development. In the mean time, organ identity, shape and size are specified by master regulators. The main objective of the project is to understand how a master regulator can trigger organ development in all cellular layers in a coordinated manner, ensuring the robust acquisition of a proper identity, size and shape. We will tackle this question using *Petunia hybrida* flowers, whose petals are organized in a tube ending with colourful limbs. We obtained chimeric flowers in *Petunia hybrida*, originating from the layer-specific excision of a transposon inserted in the *PhDEF* gene, a MADS-box gene controlling petal development. These chimeras revealed that expression of *PhDEF* in the epidermis of the petal directs growth of the limbs, while its expression in the internal layers directs growth of the tube. This suggests that the tube and the limbs constitute two independent developmental modules, whose growth is controlled in a layer-specific fashion. Moreover, we obtained evidence for non-cell-autonomous effects between layers since *PhDEF* expression in the internal layers of the petal restores some petal epidermal features.

The objective of this project is to characterize the layer-specific PhDEF regulatory network in the *Petunia hybrida* petal, in order to understand how PhDEF can direct tube or limb growth independently from specific cellular layers. For this, after a detailed characterization of the chimeric flowers we obtained, we will recreate these chimeras as transgenic plants. This will allow us to identify PhDEF target genes and interactors specifically for each cellular-layer, by a combination of cell sorting, RNA-Seq, ChIP-Seq and co-IP. We will also identify the non-autonomous targets of PhDEF induced in one layer by expression of PhDEF in another layer. Finally we will functionally characterize some key target genes, aiming to understand how they can direct tube or limb growth in a layer-specific fashion. Altogether this project should advance the field of plant developmental biology by addressing how a master regulator directs organ growth and identity in all cellular layers in a coordinated manner.

Sources de financement

- Agence nationale de la recherche (ANR) : ANR-19-CE13-0019

Date de début

2020-04-01

Date de fin

2024-03-31

Produits de recherche :

1. Phenotypic data from star and wico flowers (Jeu de données)
2. Transcriptomic data from star and wico petals at 3 developmental stages (Jeu de données)
3. Transgenic *Petunia hybrida* lines to control cell-layer specific gene expression (Collection)
4. scRNA-Seq pilot experiment (mixture of wt, def, star and wico mature petals) (Jeu de données)

Contributeurs

Nom	Affiliation	Rôles
Marie Monniaux - https://orcid.org/0000-0001-6847-3902		<ul style="list-style-type: none"> • Coordinateur du projet • Personne contact pour les données (Phenotypic data, scRNA-Seq pilot, Transcriptomic data, Transgenic lines) • Responsable du plan de gestion de données

Droits d'auteur :

Le(s) créateur(s) de ce plan accepte(nt) que tout ou partie de texte de ce plan soit réutilisé et personnalisé si nécessaire pour un autre plan. Vous n'avez pas besoin de citer le(s) créateur(s) en tant que source. L'utilisation de toute partie de texte de ce plan n'implique pas que le(s) créateur(s) soutien(nen)t ou aient une quelconque relation avec votre projet ou votre soumission.

DMP du projet "FLOWER-LAYER"

Informations sur le plan de gestion

Responsable du plan de gestion s'il est différent du Principal Investigator/Researcher

Question sans réponse.

Affiliation de l'auteur du PGD

Laboratoire de Reproduction et Développement des Plantes (RDP)
ENS de Lyon
46 allée d'Italie 69364 Lyon Cedex 07

Date de création du PGD

22/10/2020

Version en cours

version 2 -24 mois

Date de la dernière version

22/03/2022

Informations sur le projet

Identifiant de l'appel à projet (call for proposal)

AAPG 2019

Financier(s) du projet

Pour les projets européens on pourra se reporter aux informations telles qu'elles apparaissent dans [Cordis](#). Le [répertoire CrossRef des financeurs](#) peut être utilisé pour indiquer le libellé et l'identifiant DOI attribués à un financeur par CrossRef (exemple European Commission <http://dx.doi.org/10.13039/501100000780> pour la Commission Européenne).

Agence Nationale de la Recherche (ANR)

Nom du programme de recherche

Pour les projets européens on pourra se reporter aux informations telles qu'elles apparaissent dans [Cordis](#)

ANR Jeune Chercheur/Jeune Chercheuse (JCJC)

Référence de la convention de financement

ANR-19-CE13-0019

Acronyme du projet

FLOWER-LAYER

Nom du projet de recherche

Si le projet correspond à un financement lié à un appel à projet, nom du projet tel qu'il apparaît dans la réponse à l'appel à projet.

Investigating the contribution of cell layers to petal development in Petunia flowers

Institution leader du projet, coordinateur bénéficiaire (nom, pays)

Nom de l'institution tel qu'il est connu par le financeur. On pourra se reporter à la base de données [GRID Global Research Identifier Database](#) ou pour la France au [RNSR Répertoire National des Structures de Recherche](#)

Centre National de la Recherche Scientifique (CNRS), France

Autres partenaires (nom, pays, rôle de chacun des partenaires en dehors de l'institution leader)

Question sans réponse.

Unité de rattachement du responsable du projet

Suivre la [note de service Inra 2016-13 sur la signature "monoligne" des publications](#) ou la [charte des](#)

Laboratoire de Reproduction et Développement des Plantes (RDP), ENS de Lyon

Dates et durée du projet

01/04/2020 - 31/03/2024 (42 months)

Présentation générale des données du projet

Phenotypic data from star and wico flowers

Brève présentation des données générées, collectées ou réutilisées :

- [Mode d'obtention, origine, type, nature et périmètre thématique des données](#)
- [Publications associées](#)

Star and wico flowers, originating from the cell-layer-specific excision of a transposon inserted into the petal identity gene PhDEF, were measured for tube length and limb area. Pictures were taken from the side and from the top (compressing the flower against a glass slide to flatten the limbs) and measurements were done with ImageJ on at least 2 flowers from 4 independent revertant lines.

Scanning electron microscopy pictures of petal epidermis were taken for wild-type, phdef, star and wico mature flowers, in the tube and in the limbs

Petal cross-sections stained with toluidine blue were imaged for wild-type, phdef, star and wico mature flowers, in the tube and in the limbs.

These data are integrated in a preprint deposited on bioRxiv: doi.org/10.1101/2021.04.03.438311

Transcriptomic data from star and wico petals at 3 developmental stages

Brève présentation des données générées, collectées ou réutilisées :

- [Mode d'obtention, origine, type, nature et périmètre thématique des données](#)
- [Publications associées](#)

Petals from wild-type, star and wico flowers (1 line) were collected at three developmental stages, and sepals from the phdef mutant were collected at the late stage only. For each stage, the petals from 2 flowers were collected, and 3 biological replicates were performed. Tissue was grinded and RNA was extracted on a fraction of the tissue. The total RNA, after rRNA depletion, was sequenced with Illumina Next Seq 500. Reads were mapped on the *P. hybrida* genome and differential expression was analyzed with DESeq2.

These data are integrated in a preprint deposited on bioRxiv: doi.org/10.1101/2021.04.03.438311

Transgenic *Petunia hybrida* lines to control cell-layer specific gene expression

Brève présentation des données générées, collectées ou réutilisées :

- **Mode d'obtention, origine, type, nature et périmètre thématique des données**
- **Publications associées**

At 6 months: transgenic *Petunia hybrida* lines were generated as an attempt to express PhDEF in one cell layer of the petal only in an inducible manner. Three constructs were generated and transformed in planta. Plants are now at the third generation after transformation.

At 24 months: problems of weak promoters, weak fluorescent proteins, suboptimal inducible system and transgene silencing have made us reevaluate the transgenic strategy initially planned. We are testing new layer-specific promoters now, we have switched to strong fluorescent proteins validated in the petunia petal, and switched to a different inducible system that works in petunia. It is too early to know if the constructs will be working or not.

scRNA-Seq pilot experiment (mixture of wt, def, star and wico mature petals)

Brève présentation des données générées, collectées ou réutilisées :

- **Mode d'obtention, origine, type, nature et périmètre thématique des données**
- **Publications associées**

Protoplasts from mature petals or sepals from wild-type, phdef-151, star and wico flowers were obtained with a 5-hour long digestion in an enzymatic mix. Protoplasts were purified and concentrated, and protoplasts from the 4 different genotypes were pooled together at equal concentrations. Single protoplast RNA was sequenced on the 10X Genomics Chromium platform of the Center for Cancer Research in Lyon (CRCL), aiming for 10 k cells and 80 k reads per cell.

Droits de propriété intellectuelle

Qui détiendra les droits sur les données et les autres informations créées lors du projet ?

Faire attention quand un partenaire privé amène des données dans le projet.

Data will remain the property of the RDP laboratory.

Du matériel protégé par des droits spécifiques sera-t-il utilisé au cours du projet ? Dans ce cas, qui s'occupe des formalités à accomplir, obtient les autorisations d'utilisation et de diffusion éventuelle ...

Not applicable.

Confidentialité

Identification des jeux de données confidentielles

Not applicable.

Quelles sont les mesures prises et les normes auxquelles il est nécessaire de se conformer pour garantir cette confidentialité ?

Les règles de confidentialité doivent être écrites et diffusées auprès des utilisateurs. Une charte peut éventuellement être imposée engageant l'utilisateur à respecter ces règles.

Not applicable.

Le cas échéant, comment la confidentialité de données fournies par des personnes sera garantie lorsque les données seront partagées ou rendues disponibles pour une analyse de second niveau ?

Voir NGUYEN, B. (2015). Techniques d'anonymisation. Statistique et Société, 2(4)

If necessary, a confidentiality agreement will be established.

Partage des données à l'issue du projet

Phenotypic data from star and wico flowers

Y a t'il une obligation de partage (ou à l'inverse une interdiction ou une restriction)

The ANR encourages open science and open data access.

Quelles données seront partagées à l'issue du projet ? Si toutes les données ne sont pas disponibles de la même façon, ou en même temps, le préciser

The phenotypic data have been integrated into a preprint deposited on bioRxiv (doi.org/10.1101/2021.04.03.438311), that will be submitted to a peer-reviewed journal in the near future.

Quelles sont les réutilisations potentielles de ces données ?

La lecture des données nécessite-t-elle le recours à un logiciel ou un outil spécifique ? Si oui, lequel et comment y accéder ?

No

Comment les données seront-elles partagées ?

Comment les données sont-elles rendues accessibles, par exemple : dépôt dans un entrepôt (le choix d'entrepôt est abordé dans la section "Archivage et conservation des données à long terme"). Le [portail Data](#)

INRAE peut accueillir les jeux de données INRAE.

The phenotypic data have been integrated into a preprint deposited on bioRxiv (doi.org/10.1101/2021.04.03.438311), that will be submitted to a peer-reviewed journal in the near future. After acceptance by a journal the publication will be loaded on the open archive HAL depository.

Avec qui ? sous quelle licence ?

Procédure d'accès : ouverture à tous ou à un groupe spécifique, type de contrôle. Voir : [Choisir une licence](#)

No licence.

A partir de quand ?

Already available on the preprint deposited on BioRxiv.

Pendant combien de temps ?

S'assurer que les métadonnées seront accessibles même si les données ne le sont plus. (par exemple en déposant dans un entrepôt de confiance, en identifiant les données par un DOI...)

The publication will always be accessible on BioRxiv or HAL.

Les données seront-elles identifiées par un identifiant pérenne (DOI ou autre) ?

No.

Quel est l'organisme qui se chargera de la demande d'identifiant dans le cas de projets multi-partenaires ?

Si INRAE fait se charge de la demande de DOI, vous pouvez utiliser le [service d'attribution de DOI d'INRAE](#). A noter qu'un DOI est automatiquement attribué aux données déposées dans l'entrepôt [Data INRAE](#).

Transcriptomic data from star and wico petals at 3 developmental stages

Y a t'il une obligation de partage (ou à l'inverse une interdiction ou une restriction)

The ANR encourages open science and open data access.

Quelles données seront partagées à l'issue du projet ? Si toutes les données ne sont pas disponibles de la même façon, ou en même temps, le préciser

The transcriptomic data have been integrated into a preprint deposited on bioRxiv (doi.org/10.1101/2021.04.03.438311), that will be submitted to a peer-reviewed journal in the near future.

Quelles sont les réutilisations potentielles de ces données ?

Collaborators working on petal development might be interested in looking at deregulation of their genes of interest in our transcriptomic dataset.

La lecture des données nécessite-t-elle le recours à un logiciel ou un outil spécifique ? Si oui, lequel et comment y accéder ?

No.

Comment les données seront-elles partagées ?

Comment les données sont-elles rendues accessibles, par exemple : dépôt dans un entrepôt (le choix d'entrepôt est abordé dans la section "Archivage et conservation des données à long terme"). Le [portail Data INRAE](#) peut accueillir les jeux de données INRAE.

Before publication of the transcriptome, it will be shared to collaborators by transferring an excel file with normalized read counts through a secure file transfer system (system for big file transfer from the ENS de Lyon). Just before publication, the transcriptome will be deposited on the Transcriptome Shotgun Assembly (TSA) from NCBI and will be accessible for any user.

Avec qui ? sous quelle licence ?

Procédure d'accès : ouverture à tous ou à un groupe spécifique, type de contrôle. Voir : [Choisir une licence](#)

No licence.

A partir de quand ?

The transcriptome data is already available next to the bioRxiv preprint.

Pendant combien de temps ?

S'assurer que les métadonnées seront accessibles même si les données ne le sont plus. (par exemple en déposant dans un entrepôt de confiance, en identifiant les données par un DOI...)

Data will always be accessible through the TSA NCBI database.

Les données seront-elles identifiées par un identifiant pérenne (DOI ou autre) ?

Data will have a TSA master record.

Quel est l'organisme qui se chargera de la demande d'identifiant dans le cas de projets multi-partenaires ?

Si INRAE fait se charge de la demande de DOI, vous pouvez utiliser le [service d'attribution de DOI d'INRAE](#). A noter qu'un DOI est automatiquement attribué aux données déposées dans l'entrepôt [Data INRAE](#).

Not applicable.

Transgenic *Petunia hybrida* lines to control cell-layer specific gene expression

Y a t'il une obligation de partage (ou à l'inverse une interdiction ou une restriction)

The ANR encourages open science and open data access.

Quelles données seront partagées à l'issue du projet ? Si toutes les données ne sont pas disponibles de la même façon, ou en même temps, le préciser

Seeds from validated transgenic lines will be sent to collaborators upon request, only after publication of the data generated with them. A MTA will specify the obligation of the recipient.

Quelles sont les réutilisations potentielles de ces données ?

La lecture des données nécessite-t-elle le recours à un logiciel ou un outil spécifique ? Si oui, lequel et comment y accéder ?

Not applicable.

Comment les données seront-elles partagées ?

Comment les données sont-elles rendues accessibles, par exemple : dépôt dans un entrepôt (le choix d'entrepôt est abordé dans la section "Archivage et conservation des données à long terme"). Le [portail Data INRAE](#) peut accueillir les jeux de données INRAE.

Avec qui ? sous quelle licence ?

Procédure d'accès : ouverture à tous ou à un groupe spécifique, type de contrôle. Voir : [Choisir une licence](#)

Question sans réponse.

A partir de quand ?

Question sans réponse.

Pendant combien de temps ?

S'assurer que les métadonnées seront accessibles même si les données ne le sont plus. (par exemple en déposant dans un entrepôt de confiance, en identifiant les données par un DOI...)

Question sans réponse.

Les données seront-elles identifiées par un identifiant pérenne (DOI ou autre) ?

Question sans réponse.

Quel est l'organisme qui se chargera de la demande d'identifiant dans le cas de projets multi-partenaires ?

Si INRAE fait se charge de la demande de DOI, vous pouvez utiliser le [service d'attribution de DOI d'INRAE](#). A noter qu'un DOI est automatiquement attribué aux données déposées dans l'entrepôt [Data INRAE](#).

scRNA-Seq pilot experiment (mixture of wt, def, star and wico mature petals)

Y a t'il une obligation de partage (ou à l'inverse une interdiction ou une restriction)

The ANR encourages open science and open data access.

Quelles données seront partagées à l'issue du projet ? Si toutes les données ne sont pas disponibles de la même façon, ou en même temps, le préciser

Reads and cell clusters from the scRNA-Seq pilot experiment will be shared freely with the community upon request, after it has been properly analyzed. Shortly before publication, raw and processed data will be deposited on NCBI's Gene Expression Omnibus (GEO).

Quelles sont les réutilisations potentielles de ces données ?

Collaborators working on petal development might be interested in looking at gene expression in cell clusters of the petunia petal.

La lecture des données nécessite-t-elle le recours à un logiciel ou un outil spécifique ? Si oui, lequel et comment y accéder ?

Question sans réponse.

Comment les données seront-elles partagées ?

Comment les données sont-elles rendues accessibles, par exemple : dépôt dans un entrepôt (le choix d'entrepôt est abordé dans la section "Archivage et conservation des données à long terme"). Le [portail Data INRAE](#) peut accueillir les jeux de données INRAE.

Shortly before publication, raw and processed data will be deposited on NCBI's Gene Expression Omnibus (GEO).

Avec qui ? sous quelle licence ?

Procédure d'accès : ouverture à tous ou à un groupe spécifique, type de contrôle. Voir : [Choisir une licence](#)

Question sans réponse.

A partir de quand ?

Shortly before publication of the results.

Pendant combien de temps ?

S'assurer que les métadonnées seront accessibles même si les données ne le sont plus. (par exemple en déposant dans un entrepôt de confiance, en identifiant les données par un DOI...)

Data will always be available on NCBI's Gene Expression Omnibus (GEO).

Les données seront-elles identifiées par un identifiant pérenne (DOI ou autre) ?

GEO number

Quel est l'organisme qui se chargera de la demande d'identifiant dans le cas de projets multi-partenaires ?

Si INRAE fait se charge de la demande de DOI, vous pouvez utiliser le [service d'attribution de DOI d'INRAE](#). A noter qu'un DOI est automatiquement attribué aux données déposées dans l'entrepôt [Data INRAE](#).

Question sans réponse.

Description et organisation des données

Phenotypic data from star and wico flowers

Quels méthodes et outils sont utilisés pour acquérir et traiter les données ? Précisez les différents formats dans lesquels les données seront disponibles aux différentes phases de la recherche

Excel file with phenotypic measurements.

Documentation associée aux données

None.

Quels types de métadonnées seront produites pour accompagner les données ? Quels sont les standards et les vocabulaires ou taxonomies qui seront utilisés pour décrire les données ?

None.

Comment les métadonnées seront elles produites ?

Il existe des [outils pour produire ces métadonnées](#).

Not applicable.

Comment les fichiers de données sont-ils gérés et organisés au cours du projet : contrôle des versions, conventions de nommage des fichiers, organisation des fichiers...

*Séparer les données brutes des données traitées, des livrables et des programmes de traitement.
Définir des règles d'organisation et de nommage des fichiers de données. En fournir éventuellement une représentation graphique.
Ne pas modifier les données brutes : toute modification doit entraîner un changement de nom des fichiers.
Voir [Nommage et organisation des fichiers de données](#) (site Gestion et partage des données scientifiques).*

Date of modification always added to the name of the file. Raw data on the first sheet of the excel file, never modified.

Quelle est la procédure de contrôle qualité des données ? joindre éventuellement le plan d'assurance qualité

Question sans réponse.

Transcriptomic data from star and wico petals at 3 developmental stages

Quels méthodes et outils sont utilisés pour acquérir et traiter les données ? Précisez les différents formats dans lesquels les données seront disponibles aux différentes phases de la recherche

Raw read counts are normalized with DESeq2. This generates a large txt or csv file with gene identifiers and normalized read counts, which is further used for analysis.

Documentation associée aux données

Excel file with description of samples and methodology for tissue collection.

Quels types de métadonnées seront produites pour accompagner les données ? Quels sont les standards et les vocabulaires ou taxonomies qui seront utilisés pour décrire les données ?

None.

Comment les métadonnées seront elles produites ?

Il existe des [outils pour produire ces métadonnées](#).

Not applicable.

Comment les fichiers de données sont-ils gérés et organisés au cours du projet : contrôle des versions, conventions de nommage des fichiers, organisation des fichiers...

Séparer les données brutes des données traitées, des livrables et des programmes de traitement. Définir des règles d'organisation et de nommage des fichiers de données. En fournir éventuellement une représentation graphique.

Ne pas modifier les données brutes : toute modification doit entraîner un changement de nom des fichiers. Voir [Nommage et organisation des fichiers de données](#) (site Gestion et partage des données scientifiques).

The raw read counts data are never modified. Normalized read counts have been generated with DESeq2 and transferred into an excel file used for analysis. The name of this excel file contains the date of modification and old versions are stored in the same folder.

Quelle est la procédure de contrôle qualité des données ? joindre éventuellement le plan d'assurance qualité

Question sans réponse.

Transgenic *Petunia hybrida* lines to control cell-layer specific gene expression

Quels méthodes et outils sont utilisés pour acquérir et traiter les données ? Précisez les différents formats dans lesquels les données seront disponibles aux différentes phases de la recherche

All transgenic lines are registered into a local excel file, then after validation they are registered into our data management software Labcollector, accessible for all members of the laboratory.

Documentation associée aux données

The plasmids used to generate the transgenic lines are registered into Labcollector. Each transgenic plant will get a unique identifier and details about the ascendency are registered into an excel file stored on our local server Biodata. This file is regularly saved.

Quels types de métadonnées seront produites pour accompagner les données ? Quels sont les standards et les vocabulaires ou taxonomies qui seront utilisés pour décrire les données ?

None.

Comment les métadonnées seront elles produites ?

Il existe des [outils pour produire ces métadonnées](#).

Not applicable.

Comment les fichiers de données sont-ils gérés et organisés au cours du projet : contrôle des versions, conventions de nommage des fichiers, organisation des fichiers...

*Séparer les données brutes des données traitées, des livrables et des programmes de traitement.
Définir des règles d'organisation et de nommage des fichiers de données. En fournir éventuellement une représentation graphique.
Ne pas modifier les données brutes : toute modification doit entraîner un changement de nom des fichiers.
Voir [Nommage et organisation des fichiers de données](#) (site Gestion et partage des données scientifiques).*

Question sans réponse.

Quelle est la procédure de contrôle qualité des données ? joindre éventuellement le plan d'assurance qualité

scRNA-Seq pilot experiment (mixture of wt, def, star and wico mature petals)

Quels méthodes et outils sont utilisés pour acquérir et traiter les données ? Précisez les différents formats dans lesquels les données seront disponibles aux différentes phases de la recherche

Raw read counts are treated with CellRanger to map reads to gene identifiers. Cell clusters are computed with Seurat (R package). Calculations are performed on the computing cluster of the ENS de Lyon (PSMN). Outputs from CellRanger and Seurat are stored in folders on our local server Biodata.

Documentation associée aux données

Excel or word files describe the samples and scripts applied to generate data. These files are stored in the same folder as the data, on our local server Biodata.

Quels types de métadonnées seront produites pour accompagner les données ? Quels sont les standards et les vocabulaires ou taxonomies qui seront utilisés pour décrire les données ?

Question sans réponse.

Comment les métadonnées seront elles produites ?

Il existe des outils pour produire ces métadonnées.

Question sans réponse.

Comment les fichiers de données sont-ils gérés et organisés au cours du projet : contrôle des versions, conventions de nommage des fichiers, organisation des fichiers...

Séparer les données brutes des données traitées, des livrables et des programmes de traitement. Définir des règles d'organisation et de nommage des fichiers de données. En fournir éventuellement une représentation graphique.

Ne pas modifier les données brutes : toute modification doit entraîner un changement de nom des fichiers. Voir Nommage et organisation des fichiers de données (site Gestion et partage des données scientifiques).

Question sans réponse.

Quelle est la procédure de contrôle qualité des données ? joindre éventuellement le plan d'assurance qualité

Question sans réponse.

Stockage et sécurité des données

Stockage : Quels seront les supports utilisés pour les données au cours du projet ?

All data is stored on the servers of the laboratory (Biodata servers from ENS de Lyon) which are saved daily. An automatic daily back-up of the datafolder is made on the server: "<http://sauvegardes.biologie.ens-lyon.fr>" (which is provided by IT support services of the home institution, ENS de Lyon).

Stockage : Quels seront les types de flux empruntés par les données au cours du projet ?

Fournir éventuellement un schéma fonctionnel du système d'information

The pieces of data to be shared will be occasionally shared with collaborators via the secure large file transfer system for ENS de Lyon. Occasional transfer to USB sticks for personal use on different computers.

Stockage : Quelle est la volumétrie prévisionnelle ?

En mesure de stockage. Elle pourra être réévaluée au cours du projet.

Transcriptomic data: around 20 Gb.
scRNA-Seq data: several hundreds Gb.
Other pieces of data: negligible.

Stockage : Où sont hébergées physiquement les données, sur quel type d'hébergement ?

All data is stored on the servers of the laboratory (Biodata servers from ENS de Lyon) which are saved daily. For scRNA-Seq, data is stored on the local computing clusters (Calculus and PSMN).

Stockage : Où sont localisées géographiquement les données ?

The servers of the laboratory are located in the ENS de Lyon.

Sécurité : L'entité hébergeant physiquement les données a-t-elle une politique de sécurité pour son système d'information ?

La Politique Sécurité des Systèmes d'Information (PSSI) est un ensemble de règles de sécurité faisant référence pour l'entité considérée.

Yes.

Sécurité - Confidentialité : les données feront-elles l'objet d'échange ou de partage avec de tiers acteurs ?

Confidentialité : propriété selon laquelle l'information n'est pas rendue disponible ni divulguée à des personnes, des entités ou des processus non autorisés (ISO 27000). Voir aussi "Renseignements confidentiels" sur le [glossaire Research Data Canada \(RDC\)](#).

Data will be shared to collaborators upon request.

Sécurité - Confidentialité : comment sont déterminés les droits d'accès aux données pendant les recherches ?

Gestion des accès : Il convient que les propriétaires des actifs déterminent des règles de contrôle d'accès, des droits d'accès et des restrictions d'accès appropriés aux fonctions spécifiques de l'utilisateur des actifs. Les contrôles d'accès sont à la fois logiques et physiques (ISO 27002).

All data will be shared freely upon request (open science access encouraged by the ANR).

Sécurité - Confidentialité : De quelle manière l'ensemble des chercheurs partenaires du projet auront-ils accès aux données pendant la recherche ?

Méthode d'identification, d'authentification.

Free access after discussion about the scientific use for the data.

Sécurité - Intégrité - Tracabilité : Quelles sont les mesures de protection mises en œuvre pour suivre la production et l'analyse des données au cours du projet ?

Intégrité : propriété d'exactitude et de complétude (ISO 27000). Les données doivent être celles que l'on attend, et ne doivent pas être altérées de façon fortuite, illicite ou malveillante. En clair, les éléments considérés doivent être exacts et complets. (Wikipédia juin 2016)

Physical laboratory notebooks register the generation of biological data (sample collection for transcriptome, generation of transgenic lines). Informatic protocols, as well as all generated and analyzed data, are regularly updated and stored on local servers, and are accessible to all group members.

Archivage et conservation des données après la fin du projet

Quelles sont les données à conserver sur le moyen ou le long terme et quelles sont les données à détruire ?

All raw data and the final analyses files will be kept for long term. Intermediate analysis files will be trashed.

Sur quelle plateforme d'archivage pérenne seront archivées les données à conserver sur le long terme ? Sinon, quelles procédures seront mises en place pour la conservation à long terme ?

Il s'agit ici de plateformes d'archivage pérennes destinées à pérenniser les données, comme le C.I.N.E.S. Les entrepôts de données ne possèdent, à quelques exceptions près, pas cette possibilité.

Phenotypic data will be stored on local servers. Transcriptomic and scRNA-Seq data will be accessible for long term through the NCBI TSA or GEO database. Information about transgenic lines will be accessible by Labcollector.

Quelle est la durée de conservation des données ?

Qui sera responsable de la conservation à long terme ? nommer un contact individuel.

Le coordinateur du projet est responsable de la gestion des données durant le projet et de leur archivage à la fin de celui-ci. Le directeur de l'unité ayant coordonné le projet peut être responsable sur le long terme.

The director of the laboratory will be responsible for the long term data conservation.

Quel sera le volume de ces données ?

Question sans réponse.

Quelles garanties de financements couvriront les coûts associés à la conservation à long terme ?

Pour estimer le coût de la gestion des données, voir

- [UK Data Service - Data management costing tool and checklist](#)

- [OpenAIRE - How to identify and assess Research Data Management \(RDM\) costs](#)

The RDP laboratory pays for space on the local servers.