



HAL
open science

Plateforme bioinformatique MIGALE

Mouhamadou Ba, H el ene Chiapello, Christelle Hennequet-Antier, Valentin Loux, Mahendra Mariadassou, V eronique Martin, C edric Midoux, Olivier Ru e, Sophie Schbath, Val erie Vidal

► **To cite this version:**

Mouhamadou Ba, H el ene Chiapello, Christelle Hennequet-Antier, Valentin Loux, Mahendra Mariadassou, et al.. Plateforme bioinformatique MIGALE. Journ ees Ouvertes de Biologie, Informatique et Math ematique (JOBIM), Jul 2022, Rennes, France. 2022. hal-04176761

HAL Id: hal-04176761

<https://hal.inrae.fr/hal-04176761>

Submitted on 3 Aug 2023

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destin ee au d ep ot et  a la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publi es ou non,  emanant des  tablissements d'enseignement et de recherche fran ais ou  trangers, des laboratoires publics ou priv es.



Distributed under a Creative Commons Attribution - ShareAlike 4.0 International License

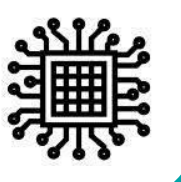





Mouhamadou Ba
Hélène Chiapello
Christelle Hennequet-Antier
Valentin Loux
Mahendra Mariadassou
Véronique Martin
Cédric Midoux
Olivier Rué
Sophie Schbath
Valérie Vidal

Plateforme bioinformatique MIGALE

Migale est une infrastructure scientifique collective INRAE ouverte à tous. Elle est membre de l'infrastructure de recherche INRAE BioinfOmics, de l'Institut Français de Bioinformatique et de France-Génomique. Ses activités sont certifiées ISO9001 depuis avril 2011.



Nos missions

-  Déploiement d'une **infrastructure de calcul scientifique**
-  Mise à disposition des **collections de données publiques** issues de travaux de génomique
-  **Analyse** de données **génomiques**
-  **Déploiement** sur la plateforme de **logiciels d'analyses bioinformatiques** et statistiques
-  **Conception** et **développement** d'applications
-  **Formation** des utilisateurs aux méthodologies de la bioinformatique et aux logiciels d'analyse

➔ <https://migale.inrae.fr/>

Infrastructure de calcul scientifique

- Un **cluster de calcul** de **2436 cœurs**, 3 serveurs dédiés aux **bases de données**
- 22 serveurs physiques, 15 serveurs virtuels dédiés à des projets collaboratifs ou des outils
- Plus de **800 To** d'espace de stockage centralisé

Données et Outils

- ~ 400 **outils** mis à disposition
- 90 **banques de données**
- **Mises à jour régulières** des banques et outils
- Portail Galaxy : <https://galaxy.migale.inrae.fr/> pour une utilisation conviviale
- RStudio Server : <https://rstudio.migale.inrae.fr/>
- Hébergement d'applications shiny : <https://shiny.migale.inrae.fr/>
- **Packaging** et **intégration d'outils** en protéomique, statistiques, ...



Analyses de données

Bioinformatique et Statistique

Domaines d'expertise :

- Assemblage & annotation de génomes microbiens
- Génomique et génomique comparée
- Métagénomique, Métatranscriptomique
- Fouille de texte et données

Exemples de projets en métagénomique :

- **MetaPDO-Cheese** : Étude de la biodiversité des fromages AOP
- Ingénierie écologique de **communautés microbiennes** pour la valorisation de bio-déchets

Mise à disposition des analyses et résultats sous forme de **rapports web** (Rmd)

Conception et développement

- **Omnicrobe** : base de données de phénotypes et habitats microbiens
- **Easy16S** : interface de visualisation de jeux de données métagénomiques 16S
- **ProteoRE** : interprétation et exploration de données protéomiques

Formations

- 120 **personnes formées**/an en présence ou à distance
- 16 **modules** différents, dont :
 - Initiation à R, ggplot2, shiny
 - Galaxy
 - Traitement primaire de données NGS (Galaxy / ligne de commande)
 - Annotation automatique de génomes bactériens
 - RNA-seq : bioinfo et statistiques
 - Métagénomique 16S, Métagénomique shotgun
 - Modélisation 3D de protéines

Centre
Île-de-France – Jouy-en-Josas-Antony

➔ Université Paris-Saclay, INRAE, MaIAGE, 78350, Jouy-en-Josas, France
Université Paris-Saclay, INRAE, BioinfOmics, Migale, 78350, Jouy-en-Josas, France