



**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



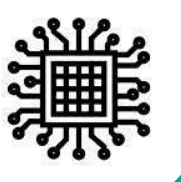





Mouhamadou Ba  
Hélène Chiapello  
Christelle Hennequet-Antier  
Valentin Loux  
Mahendra Mariadassou  
Véronique Martin  
Cédric Midoux  
Olivier Rué  
Sophie Schbath  
Valérie Vidal

## 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