



HAL
open science

Plateforme bioinformatique MIGALE

Hélène Chiapello, Sandra Dérozier, Olivier Inizan, Mahendra Mariadassou, Véronique Martin, Cédric Midoux, Olivier Rué, Sophie Schbath, Valérie Vidal

► **To cite this version:**

Hélène Chiapello, Sandra Dérozier, Olivier Inizan, Mahendra Mariadassou, Véronique Martin, et al.. Plateforme bioinformatique MIGALE. Journées Ouvertes de Biologie, Informatique et Mathématique (JOBIM), Jul 2019, Nantes, France. 2019. hal-04176805

HAL Id: hal-04176805

<https://hal.inrae.fr/hal-04176805>

Submitted on 3 Aug 2023

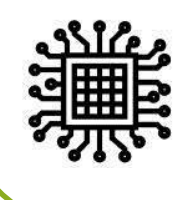
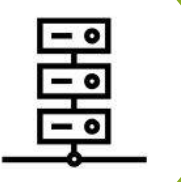




HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



Distributed under a Creative Commons Attribution - ShareAlike 4.0 International License

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.inra.fr/>

Infrastructure de calcul scientifique

- Un **serveur frontal** (migale) de 40 cœurs et de 196 Go de mémoire
- Un **cluster de calcul** de **1081 cœurs**, 3 serveurs dédiés aux **bases de données**
- 22 serveurs physiques, 14 serveurs virtuels dédiés à des projets collaboratifs ou des outils
- Plus de **300 To** d'espace de stockage

Collections génériques

- Environ 80 **banques de données** publiques sont mises à jour automatiquement avec l'outil **bioMAJ**

Analyse de données

- **Domaines d'expertise:**
 - Assemblage & annotation de génomes microbiens
 - Génomique (RNA-seq, DNA-seq)
 - Génomique comparée
 - Métagénomique (gène marqueur, shotgun)
 - Métatranscriptomique
 - Statistiques
- **Services proposés :**
 - Conseil en stratégie de séquençage
 - Collaboration
 - Accompagnement
 - Formation (NGS, métagénomique, ...)

Migale est labellisée **ISC**, fait partie de BioinfOmics, la nouvelle Infrastructure de Recherche en Bioinformatique de l'INRA et de l'**Institut Français de Bioinformatique et France-Génomique**. Elle est certifiée **ISO9001** depuis avril 2011.



Déploiement logiciel

- Plus de 150 outils installés et mis à disposition
- Mises à jour régulières
- Portail Galaxy : <https://galaxy.migale.inra.fr/> pour une utilisation conviviale
- Packaging et intégration d'outils en protéomique, statistiques, ...



Conception et développement

Développement d'applications pour répondre aux besoins des utilisateurs:

- **FoodMicrobiomeTransfert** : interface d'exploration de métagénomiques alimentaires
- **Florilège** : base de données de phénotypes microbiens
- **Easy16S** : interface de visualisation de jeux de données métagénomiques 16S
- **MetaFoldScan** : identification de structures protéiques dans des données métagénomiques

Formations

- ~120 **personnes formées/an**
- 14 **modules** différents
 - Initiation à Perl, Perl avancé
 - Initiation à Python, Python avancé
 - Initiation à R
 - Galaxy
 - Traitement primaire de données NGS (Galaxy / ligne de commande)
 - Annotation automatique de génomes bactériens
 - Traitement bioinformatique et statistique des données RNASeq
 - Métagénomique 16S
 - Modélisation 3D de protéines
 - ...