migale

migazette

La gazette de la plateforme
http://migale.jouy.inra.fr

Membres de la plateforme

- **Valentin LOUX**
  Responsable opérationnel
  valentin.loux@inra.fr
  01.34.65.28.95
- **Sophie SCHBATH**
  Responsable scientifique
  sophie.schbath@inra.fr
  01.34.65.28.90
- **Eric MONTAUDON**
  Administrateur Système Linux
  eric.montaudon@inra.fr
  01.34.65.28.92
- **Véronique MARTIN**
  Outils et Banques de données
  veronique.martin@inra.fr
  01.34.65.29.74
- **Valérie VIDAL**
  Bases de données
  valerie.vidal@inra.fr
  01.34.65.22.39
- **Sandra DÉROZIER**
  Conception et Développement
  sandra.derozier@inra.fr
  01.34.65.29.04
- **Olivier RUÉ**
  Analyse de données
  olivier.rue@inra.fr
  01.34.65.28.93

Coordonnées

Plateforme Migale
Unité MaIAGE
Bâtiment 233
INRA – CRJ
Domaine de Vilvert
78352 Jouy-en-Josas
---
http://migale.jouy.inra.fr
help.migale@jouy.inra.fr
Fax : 01.34.65.29.01

Actualités

L'arrêt du DataCenter Ile-de-France où est hébergée l'infrastructure informatique de la plateforme a engendré une coupure des services proposés par Migale du mercredi 5 octobre au lundi 10 octobre 2016.

Lors de cet arrêt, le DataCenter a effectué des travaux afin de préparer la future salle dédiée à l'informatique de l'INRA Ile-de-France mais également toutes les tâches de maintenance annuelle.

Changement de responsable scientifique

Depuis la création de Migale en 2003 et jusqu'à l'été 2016, **Jean-François Gibrat** a accompagné la plateforme en tant que responsable scientifique. Toute l'équipe le remercie pour son investissement et sa confiance. Jean-François laisse sa place à **Sophie Schbath**, directrice de l'unité MaIAGE qui connait donc parfaitement la plateforme. Tous les membres de Migale lui souhaitent la bienvenue.

Activité d'analyse

L'arrivée d'Olivier Rué (recrutement INRA MICA fin 2015) permet à la plateforme d'élargir ses missions en proposant à ses utilisateurs une collaboration, un accompagnement et/ou du conseil pour des projets d'analyse bioinformatique, en relation étroite avec le Métaprogramme MEM (Méta-omiques des Écosystèmes Microbiens).

Cette offre de service, initialement centrée sur l'analyse de métagénomes par des approches gènes marqueurs se décline actuellement sous deux formes :

- **Formation et conseil** : mise en place d'une formation dédiée à l'analyse bioinformatique et statistique de données de métabarcoding 16S-23S, en partenariat avec l'équipe de recherche StatInfOmics de l'unité MaIAGE, l'UMR MICALIS (INRA Jouy), l'unité GenPhySe et la plateforme Genotoul (INRA Toulouse). Une trentaine de personnes a déjà été formée depuis janvier 2016. D'autres sessions seront proposées durant le prochain cycle de formation à la bioinformatique par la pratique de la plateforme Migale qui démarrera début 2017. L'outil bioinformatique que nous préconisons pour les analyses 16S est FROGS. Il est mis à disposition sur l'interface Galaxy de Migale.
- **Service d'analyse de données** de metabarcoding (16S – ITS). Ce service a d'abord été mis au point sur des projets ciblés et est maintenant ouvert plus largement. Si vous êtes intéressé, merci de nous contacter par mail (help.migale@jouy.inra.fr) ou par le biais du formulaire dédié sur le site de la plateforme.

Nous travaillons actuellement sur des projets ciblés de métagénomique shotgun et de métatranscriptomique pour étendre notre offre à ce type d'analyses. Ces projets nous permettront rapidement de partager des retours d'expérience sur des procédures d'analyse et des outils (assemblage, assignation taxonomique, annotation fonctionnelle…). Dès que ceux-ci seront suffisamment stabilisés, nous proposerons de la même manière que pour le metabarcoding, une formation et une offre de service associée. En attendant, n'hésitez pas à nous contacter si vous souhaitez collaborer sur un projet.

Les derniers articles remerciant la plateforme

- **Analysis of the genetic diversity and structure across a wide range of germplasm reveals prominent gene flow in apple at the European level**, Urrestarazu J., Denancé C. *BMC Plant Biology*. 2016
- **Remodeling Cildb, a popular database for cilia and links for ciliopathies**, Arnaiz O, Cohen J, Tassin AM, Koll F. *Cilia*. 2016
- **How Ecology and Landscape Dynamics Shape Phylogenetic Trees**, Fanny Gascuel, Régis Ferrière, Robin Aguilée, Amaury Lambert. *Systematic Biology*. 2016
- **High genetic structure and contrasting demographic history in the endangered Mediterranean tortoise Testudo hermanni hermanni**, Zenboudji S., M. Cheylan, V. Arnal, A. Bertolero, R. Leblois, G. Astruc, G. Bertorelle, J. L. Pretus, M. Lo Valvo, G. Sotgiu, C. Montgelard. *Biological Conservation 195 : 279–291*. 2016

Si vos travaux utilisant les ressources de la plateforme mènent à une publication, merci de citer Migale dans les remerciements et de nous informer de la publication de l'article par le biais du formulaire.