

Nos missions

Déploiement d'une infrastructure de calcul scientifique

Mise à disposition des collections de données publiques issues de travaux de génomique

Déploiement sur la plateforme de logiciels d'analyses bioinformatiques et statistiques

Formation des utilisateurs aux méthodologies de la bioinformatique et aux logiciels d'analyse

Conception et développement d'applications

Analyse de données génomiques

→ <http://migale.jouy.inra.fr/>

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 (RNAseq, DNAseq)
 - Génomique comparée
 - Métagénomique (gène marqueur, shotgun)
 - Métatranscriptomique
 - Statistiques
- **Services proposés :**
 - Conseil en stratégie de séquençage
 - Collaboration
 - Accompagnement
 - Formation (NGS, métagénomique...)

Infrastructure de calcul scientifique

- Un **serveur frontal** (migale) de 40 cœurs et de 196 Go de mémoire.
- Un **cluster de calcul** de **1028 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.

La plateforme Migale est labellisée **IBISA**, fait partie des projets investissements d'avenir **Institut Français de Bioinformatique** et **France-Génomique** et est **certifiée ISO9001** depuis avril 2011.



Déploiement logiciel

- Plus de 140 outils installés et mis à disposition.
- Mises à jour régulières.
- Portail Galaxy : <http://migale.jouy.inra.fr/galaxy/> pour une utilisation conviviale
- Packaging et intégration d'outils en protéomique, statistiques, ...



Poster 200

Poster 206

Poster 210

Conception et développement

Développement d'application pour répondre aux besoins des utilisateurs:

- **FoodMicrobiomeTransfert** : interface d'exploration de métagénomies 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

Poster 134

Poster 183

Poster 171

Poster 155

Formations

- 14 modules différents – ~150 personnes formées/an
 - Initiation à Perl, Perl avancé
 - Initiation à Python, Python avancé
 - Initiation à R
 - Galaxy
 - Traitement primaire de données NGS (Galaxy / ligne de commande)
 - Annotation de génomes bactériens
 - Traitement bioinformatique et statistique des données RNASeq
 - Métagénomique 16S
 - Modélisation 3D de protéines
 - ...