

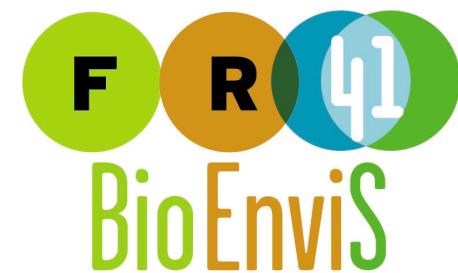


Towards a galaxy.prabi.fr



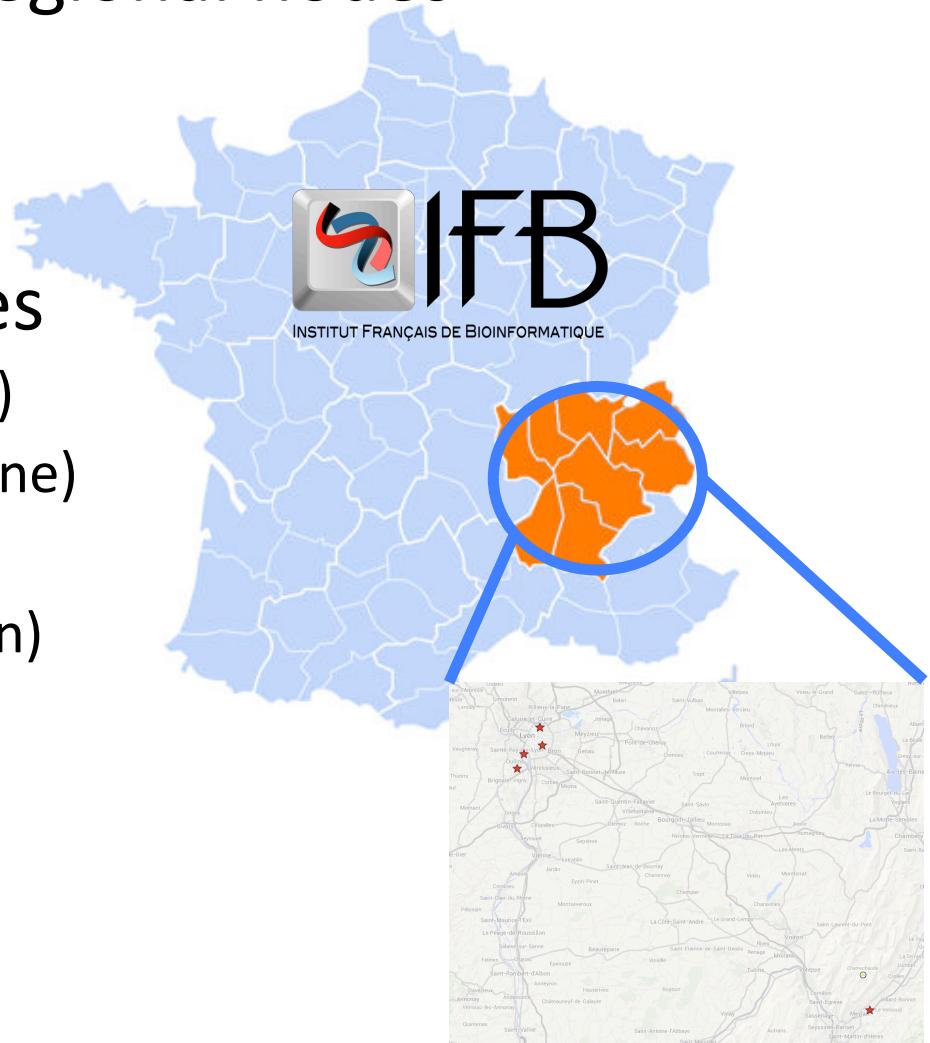
IFB-galaxy Day
04/12/2013

Navratil V., PhD, UCBL
navratil@prabi.fr



www.prabi.fr

- One among the six **IFB** regional nodes
- Region: Rhône-Alpes
- Director: Guy Perrière
- 11 Research Team, 6 sites
 - ***prabi-amsb*** (Villeurbanne)
 - ***prabi-laDOUA*** (Villeurbanne)
 - ***prabi-Gerland*** (Lyon)
 - ***prabi-INCA/Synergie*** (Lyon)
 - ***prabi-LyonSud*** (Lyon)
 - ***prabig*** (Grenoble)



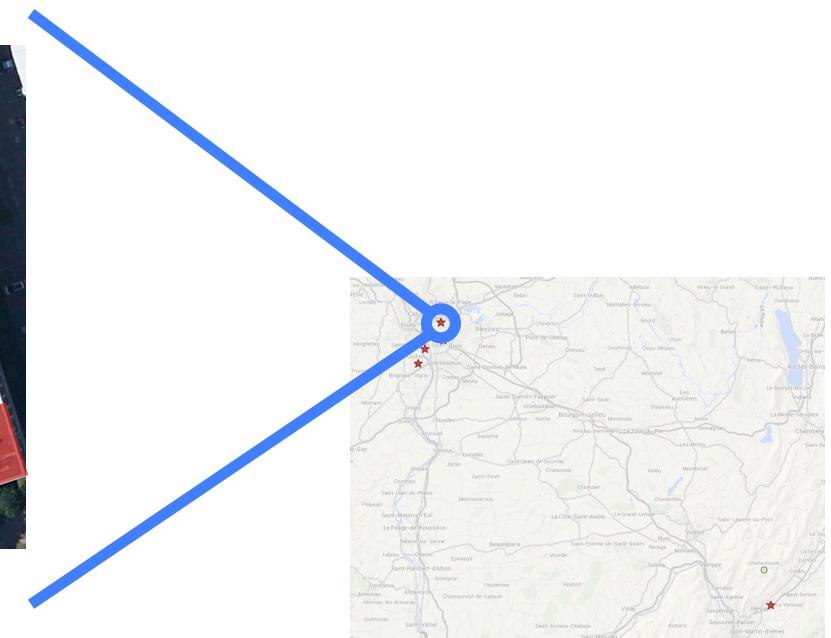
prabi-amsb in a



- "Systems Biology Analysis and Modeling"

"Analyse et Modélisation des Systèmes Biologiques"

- Scientific Director: *G. Perrière, CNRS*
- Technical Director: *V. Navratil, UCBL*



prabi-amsb in a



- Three Axis:

Bioinformatics Services, Support and Valorisation

- Bioinformatics development
 - knowledgebase and user interface
- High-throughput data analysis:
 - NGS data analysis:
 - mRNA-seq; chip-seq
 - Metagenomics/transcriptomics

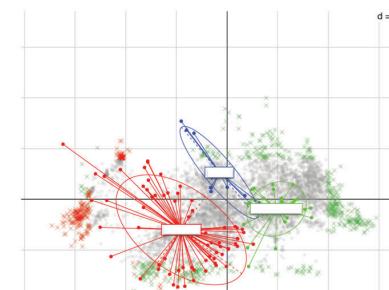
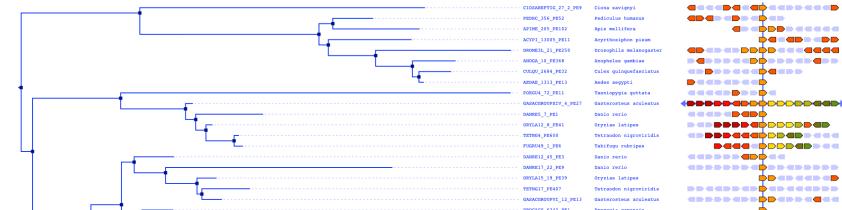
Systems Biology and Bioinformatics Research

- Biological Network modeling and data integration
- High-performance computing

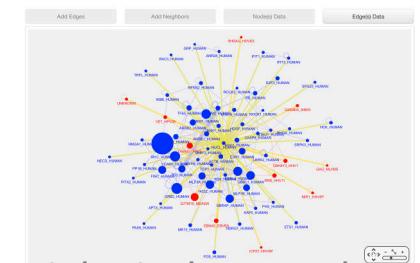
Bioinformatics Training/Education

- Bioinformatics Training room (15 places)
- NGS data analysis
- Systems Biology (pathogen:host)

Database and Web2.0 interface



NGS Data-mining



Biological Network Modeling and analysis



galaxy training

- NGS data analysis training days:
 - *"Analyse des données RNA-seq et ChIP-seq (séquençage haut-débit), à l'aide d'outils orientés vers un public de biologistes"*
 - C. Oger, V. Navratil, P. Veber, C. Deschamps, G. Perrière
 - 3 days
 - 50% theoretical and 50% practical courses with galaxy + IGV
 - 12-15 students per training



galaxy training

- Server R815 Configuration (pbil.univ-lyon1.fr):
 - Dell R815
 - Processors: 48 cores
 - Memory: 256 Go RAM
 - Storage: >150 To PANASAS
 - System Admin. (S. Delmotte, B. Spataro)
 - Galaxy Admin. (V. Navratil, P. Veber, D. Guyot)



galaxy training

- ***prabi-Gerland***
 - *Infrastructure Distribuée pour la bioinformatique: IDB*
 - Responsable: C. Blanchet
 - the European Community's Seventh Framework Programme (INFSO-RI-261552) and by the French National Research Agency's Arpege Programme (ANR-10-SEGI-001).

galaxy training

- Program @ www.fc3bio.fr

Informations

PUBLIC CONCERNÉ
Biologistes (Chercheurs, ingénieurs, étudiants) ayant en projet ou en cours des expériences de RNA-seq ou ChIP-seq.

PÉDAGOGIE
Effectif maximum : 15 Personnes
Remise de support de cours
La formation sera sanctionnée par une attestation de formation.
Stage à 50% pratique
Chaque auditeur disposera d'un poste informatique individuel pendant la formation

SESSION
Du 25 au 27 septembre 2013
Du 1 au 3 octobre 2013
Du 11 au 13 février 2014
Du 30 septembre au 2 octobre 2014
Lieu : PRABI - Campus de la Doua - Villeurbanne
Les repas sont pris en charge par Fc-3Bio

DURÉE
3 journées - 21 heures

INTERVENANT
Mme C. Oger
M. V. Navratil
Mme C. Deschamps
M. G. Perrière
M. P. Veber

FRAIS PÉDAGOGIQUES
1600 € HT
Auditeurs académiques : 1350 € HT

RÉFÉRENCE MODULE
Ref BIF-14

Objectifs

Les nouvelles technologies de séquençage à très haut-débit révolutionnent de nombreuses approches expérimentales en biologie moléculaire et évolutive. Leurs applications couvrent de très nombreux domaines aussi divers que la transcriptomique, la génomique, l'épigénomique, ou encore la métagénomique. Ces applications génèrent toutes des quantités impressionnantes de séquences courtes et exigent des traitements bioinformatiques spécifiques, aussi fiables qu'efficaces. Notre formation a pour objectif de vous permettre de traiter les données générées.

- Acquérir les connaissances générales sur les méthodes de séquençage à haut-débit.
- Connaitre les caractéristiques des données obtenues dans le cadre de l'analyse du transcriptome (RNA-seq) et de la régulation des gènes (ChIP-seq).
- Savoir planifier une expérience simple de type RNA-seq et ChIP-seq en fonction de ses objectifs scientifiques et des caractéristiques et contraintes expérimentales.
- Connaitre les principales méthodes et outils d'analyse des données RNA-seq et ChIP-seq. Pouvoir les mettre en oeuvre dans un cas simple via un serveur web Galaxy.
- Pouvoir visualiser les résultats dans un navigateur de génome.

- Contact: J.F. Prost (fc3bio)

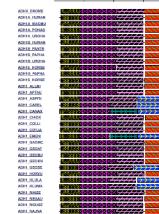
galaxy training

- Statistics:
 - 2010-2013 (3 years)
 - 2013 (5 Trainings), 2012 (1), 2011 (1), 2010 (1)
= ~ 90 biologists trained for NGS data analysis with galaxy + IGV
- 17 au 22 Novembre 2013:
 - Ecole Bioinformatique: Initiation au traitement des données de génomique obtenues par séquençage à haut débit. Station Biologique, Roscoff
 - <http://biow.sb-roscoff.fr/ecoletbioinfo>



galaxy wrappers

- Galaxy wrappers development
 - Valorisation, Transfer and Formation
 - Bioinformatics tools developed within PRABI area
 - ***priam_search*** (java) (D. Kahn, LBBE)
 - B. Radisson (Stage IUT 2012)
 - <http://priam.prabi.fr>
 - ***kisssplice*** (C++) (V. Lacroix, A. Julien, LBBE)
 - <http://kisssplice.prabi.fr>
 - ***getaccess*** to homologous gene families (S. Penel)
 - PRABI and/or IFB-galaxy toolshed / mercurial repository ?



galaxy.prabi.fr

- **A single regional instance for biologists ?**
 - A "strong" demand from biologists in Lyon/Grenoble:
 - SFR BioEnvis (Pr. Pierre Joly)
 - Ecology, Evolution, Microbiology
 - SFR Bioscience Gerland-Lyon Sud (UMS3444/US8) (Dr. Pierre Jurdic)
 - Medicine, Infectiology, Structural biology, Cellular biology ...
 - SFR Santé Lyon-EST (UMS 3453 CNRS/US7) (Pr. Germain GILLET)
 - Medicine
 - Grenoble (LECA, J.P David)
 - Ecology
- diversity of geographic, thematic and resource needs
- Local needs @ UCBL for NGS data analysis education and training
- **Questionnaire to provide an optimal local instance configuration ?**
 - Will be tested with the "Groupe NGS" members @ Lyon (F. Picard, V. Lacroix)

galaxy.prabi.fr

- A unique URL for users, with an hybrid solution:
 - At least a dedicated instance
 - R910 servers (40 CPU), 1to RAM, 80 To Storage (PANASAS)
 - and/or a local cluster solution (for specific purpose):
 - 700 CPU, 3,5 To RAM (cum), > 150To Storage
 - and/or an academic cloud instance (IDB)
- A unique galaxy server configuration ?
 - A common galaxy Virtual Machine ?
 - a kvm running on stratuslab
 - Local data-repository rsync with the main data providers (Biomaj)
 - Genome (fa, index, annotation)
 - Metadata (homologous family, gene ontology, pathway annotation, domain annotation,...)



Training



Support



Education



galaxy.prabi.fr



...



acknowledgments

- ***prabi-amsb/laDOUA***
 - Stéphane Delmotte, CNRS
 - Bruno Spataro, CNRS
 - Guy Perrière, CNRS
 - Christine Oger, UCBL
 - Philippe Veber, CNRS
 - Dominique Guyot, UCBL
 - Clothilde Deschamps, UCBL-Ezus
 - Rémi Planel, UCBL
 - PRABI members
 - Groupe NGS members
- ***prabi-Gerland/IDB***
 - Christophe Blanchet, CNRS
 - Clément Gauthey, CNRS
 - Stratuslab Members



prabi-amsb partners

