

Plateforme **Bioinformatique**

Une infrastructure matérielle adaptée et performante
Une équipe d'informaticiens et de bio-informaticiens
Un accès aux principales banques de données et logiciels
L'exploitation et la valorisation de vos données

La plateforme bioinformatique IbiSA de Toulouse met à disposition de la communauté scientifique des ressources informatiques et bioinformatiques en vue de l'exploitation à grande échelle des données produites par les programmes scientifiques dans le domaine de la biologie et de la bioinformatique.

SERVICE

Une équipe dédiée pour

- La mise à disposition et la maintenance des ressources :
 - infrastructure matérielle,
 - logiciels,
 - banques de données,
 - environnement de travail.
- L'expertise.
- L'hébergement de projet et d'application de bioinformatique.
- La veille technologique.

ACCÈS

Laboratoires publics et entreprises privées.

Accès libre et sécurisé

- Site web
- Comptes utilisateur
- Comptes projet

A venir

- Postes de travail «encadrés»

COMPÉTENCES

Bioinformatique

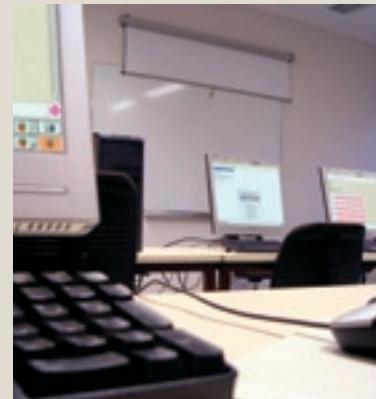
- Analyse de séquences
 - Nettoyage, assemblage, alignement, prédiction de gènes, recherche de motifs.
- Banque de données
 - Mise à jour, interrogation

Informatique

- Calculs parallélisés
- Base de données
- Développement
- Organisation de projet

FORMATION

- Utilisation de l'infrastructure de calcul.
- Interrogation des banques de données.
- Utilisation des outils d'analyse de séquences.
- Analyse statistique des données biologiques.



Salle de formation

CONTACTS



Centre INRA d'Auzeville

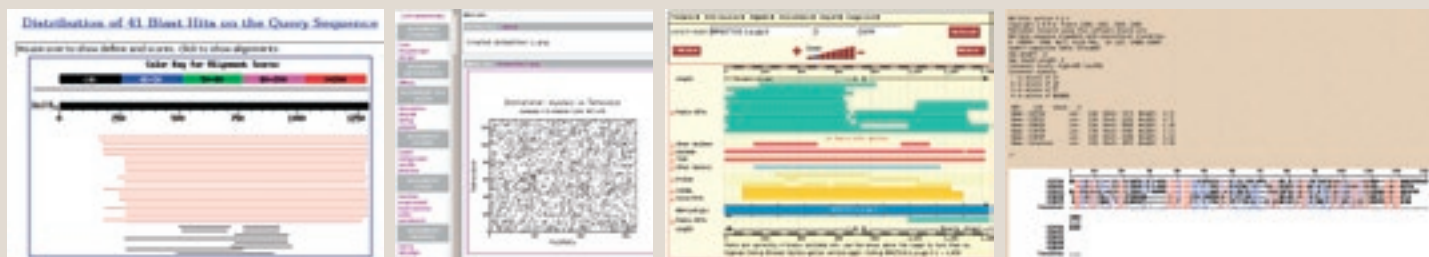
Chemin de Borde Rouge
31326 Castanet Tolosan

RESPONSABLE SCIENTIFIQUE

Christine Gaspin

Tél : 05 61 28 52 82

anim.bioinfo@toulouse.inra.fr



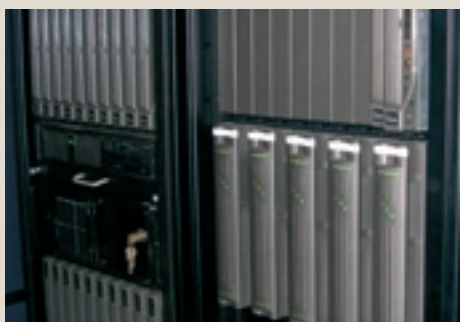
ÉQUIPEMENTS

■ En production (2007) :

- 3 SERVEURS D'APPLICATION QUADRI-OPTEON (2.2 GHZ, 16 Go RAM) POUR LE DÉVELOPPEMENT, LES BASES DE DONNÉES ET LA MISE A DISPOSITION DES DONNÉES.
- CLUSTER DE CALCUL : 40 NŒUDS DE CALCUL (80 CPU)
- UNE BAIE DE STOCKAGE DE 10 To EXTENSIBLE
- ROBOT DE SAUVEGARDE

■ A venir :

- EXTENSION DE LA BAIE DE STOCKAGE À 50 To,
- DOUBLEMENT DES CAPACITÉS DE CALCUL.



RÉFÉRENCES

La plateforme bioinformatique héberge une vingtaine de projets et compte près de 200 utilisateurs.

63 banques de données sont mises à jour régulièrement parmi lesquelles :

- Nucléiques (nt, dbest, UNIGEN etc.) ,
- Protéiques (nr, swissprot, trembl etc.)
- Génomes complets : eucaryotes (humain, Arabidopsis thaliana...), bactéries, archaee.

Des logiciels d'analyse standards en accès web : SRS, Blast, la suite EMBOSS et plus de 200 logiciels accessibles en ligne de commande.

EXEMPLE DE DÉVELOPPEMENTS EN COURS

Plateforme d'annotation des ARNnc
Ce projet de développement d'une plateforme de prédiction de stockage et d'annotation des ARNnc est financé par le « RNG ». Nous le menons en collaboration avec la plateforme de Lille et une dizaine d'équipes de bioinformatique au plan national.

EXEMPLES DE RÉALISATIONS

■ Mamsat

<http://bioinfo.genopole-toulouse.prd.fr/MAMSat>
Base de données de méta analyse des microsattellites de la région humaine MHC-HLA2. En collaboration avec l'Inserm, UR.

■ Biomaj

<http://cat.toulouse.inra.fr/~dataman/biomaji/>
Logiciel de mise à jour automatique des banques de données (collaborations avec la plateforme bioinformatique de Ouest Génopole et les plateformes bioinformatiques INRA d'Evry et de Jouy-en-Josas).

■ Formations à la demande

En collaboration avec d'autres instituts (LSP- CNRS/Insa/UPS, LGC-Inra, LIPM-Inra, Saga-InraUBIA-Inra, LIPM et plateforme biopuces)

- Analyse informatique de séquences.
- Analyse statistique de données biologiques.

PARTENAIRES

