

Durée / Programme : 3 journées

Présentation des plateformes et des équipes

Initiation à l'interface Galaxy

Administration et wrappers Galaxy

Autres sessions Genotoul disponibles : <http://bioinfo.genotoul.fr>

Votre intervenante :

Sarah maman

Equipe Sigeneae

Ingénieur d'études en bioinformatique

Présentation des plateformes et des équipes

Sarah Maman
Déc. 2016

GIS Genotoul

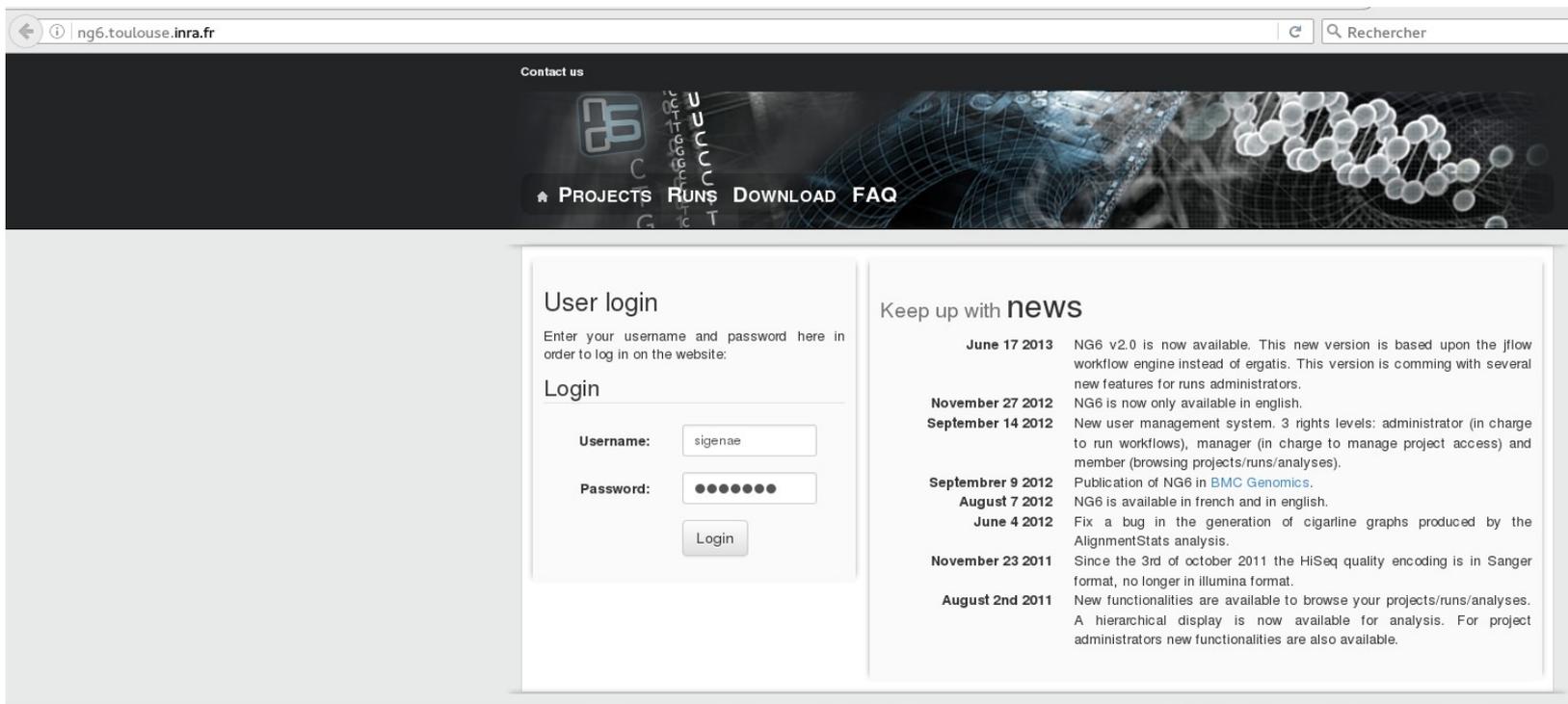
Créé en 2000



PF Genotoul est l'une des 13 plateformes bioinformatiques IBISA.

Depuis 2008, BioInfo Genotoul travaille en collaboration avec la plateforme génomique pour traiter d'énormes volumes de données générés par la nouvelle génération de séquenceurs.

Les fichiers FASTQ produits sont mis à disposition des biologistes via NG6.



Contact us

PROJECTS RUNS DOWNLOAD FAQ

User login

Enter your username and password here in order to log in on the website:

Username:

Password:

Login

Keep up with news

- June 17 2013** NG6 v2.0 is now available. This new version is based upon the Jflow workflow engine instead of ergatis. This version is coming with several new features for runs administrators.
- November 27 2012** NG6 is now only available in english.
- September 14 2012** New user management system. 3 rights levels: administrator (in charge to run workflows), manager (in charge to manage project access) and member (browsing projects/runs/analyses).
- Septembrer 9 2012** Publication of NG6 in [BMC Genomics](#).
- August 7 2012** NG6 is available in french and in english.
- June 4 2012** Fix a bug in the generation of cigarline graphs produced by the AlignmentStats analysis.
- November 23 2011** Since the 3rd of october 2011 the HiSeq quality encoding is in Sanger format, no longer in illumina format.
- August 2nd 2011** New functionalities are available to browse your projects/runs/analyses. A hierarchical display is now available for analysis. For project administrators new functionalities are also available.

Accès à de très hautes performances de calcul : le cluster Genotoul.

Nécessiter de créer un compte pour accéder à ce cluster de calcul.

Utilisation de comptes spécifiques de formation lors de cette semaine.

Si besoin:

- Pour les mini-projets : penser à demander une prolongation de compte.
- Pour les stages : ouvrir un compte avec votre adresse académique (pas de mail perso).

Un fois loggé, vous avez accès:

- * Nombreuses banques de données biologiques
- * Nombreux scripts et outils bioinformatiques.
- * Accès à des sessions de formations
- * Services publics :
 - hébergement de sites web
 - Hébergement de machines virtuelles (VM).
 - Expertises et support scientifique (biologie / bioinformatique).



The team



Christine Gaspin
DR INRA / Scientific animation
 +33 (0)5 61 28 52 82
christine.gaspin@toulouse.inra.fr



Christophe Klopp
IR INRA / Technical animation
 +33 (0)5 61 28 50 36
christophe.klopp@toulouse.inra.fr



Céline Noirot
IE INRA / Development and data analysis
 +33 (0)5 61 28 57 24
celine.noirot@toulouse.inra.fr



Claire Hoede
IR INRA / Development and data analysis
 +33 (0)5 61 28 53 05
claire.hoede@toulouse.inra.fr



Didier Laborie
IE INRA / System administrator
 +33 (0)5 61 28 54 27
didier.laborie@toulouse.inra.fr



Jérôme Mariette
IE INRA / Development and data analysis
 +33 (0)5 61 28 57 25
jerome.mariette@toulouse.inra.fr



Marie-Stéphane Trotard
IE INRA / System administrator
 +33 (0)5 61 28 52 76
marie-stephane.trotard@toulouse.inra.fr



Frédéric Escudjé
IE France Génomique / Development and data analysis
 +33 (0)5 61 28 55 49
frederic.escudie@toulouse.inra.fr

Gaëlle Lefort

IE Biostat - Nov 2015 - Mai 2016
 Financement Genotoul pour PF Biostat/PF Bioinfo
Gaëlle.Lefort@toulouse.inra.fr

Alexandre Heurteau
 IE Bioinfo/Biostat - Mars 2016 - Août 2016
 Financement GenEndurance
alexandre.heurteau@toulouse.inra.fr



Régis Ongaro
IE France Génomique / Development and data analysis
 +33 (0)5 61 28 57 45
Regis.Ongaro@toulouse.inra.fr

SIGENAE : équipe de bioinformaticiens de l'INRA.
 Service auprès des biologistes qui travaillent sur 6 espèces (animaux d'élevage)
 Membres de l'équipe répartis sur 2 sites : Jouy en Josas et Toulouse.
 Membres de l'équipe appartiennent à plusieurs départements dont GA, SA.

Système d'Information d'(Information System of) AGENAE.
www.sigenae.org



The screenshot shows the SIGENAE website interface. At the top, there is a navigation bar with the SIGENAE logo and the text 'Système d'Information des GENomes des Animaux d'Elevage'. A search bar is present with a 'GO' button. On the right, there is a 'Sign in or register' section with a login form and a lock icon.

Below the navigation bar, there is a section titled 'Aquaculture and Farm Animal Species EST Contigs Access through Ensembl and BioMart'. This section contains a grid of 10 animal species, each with a small image and a text box: Cattle, Chicken, Pig, Rabbit, Sheep, Oyster, Sea Bass, Sea Bream, Trout, and Salmon/Trout.

Below this grid, there is another section titled 'Aquaculture Animal Species RNA-Seq Contigs' with two sub-sections: 'Gigaton' and 'Phylofish', each with a small image.

At the bottom of the main content area, there is a 'Sigenae presentation' section with a paragraph of text. Below that is a 'Public News' section with the text 'no news in this list.' and a 'More news' link with a right-pointing arrow.

The footer of the page contains the INRA logo on the left, copyright information in the center, and the geno tout bioinfo logo on the right.

Le GIS Agenae

- Historique
- Les membres du GIS
- Les instances
- Les infrastructures

Le partenariat européen

Le programme



 Accueil • [Le GIS Agenae](#)

| Le GIS Agenae

Groupement d'Intérêt Scientifique Agenae - Analyse du GENome des Animaux d'Elevage

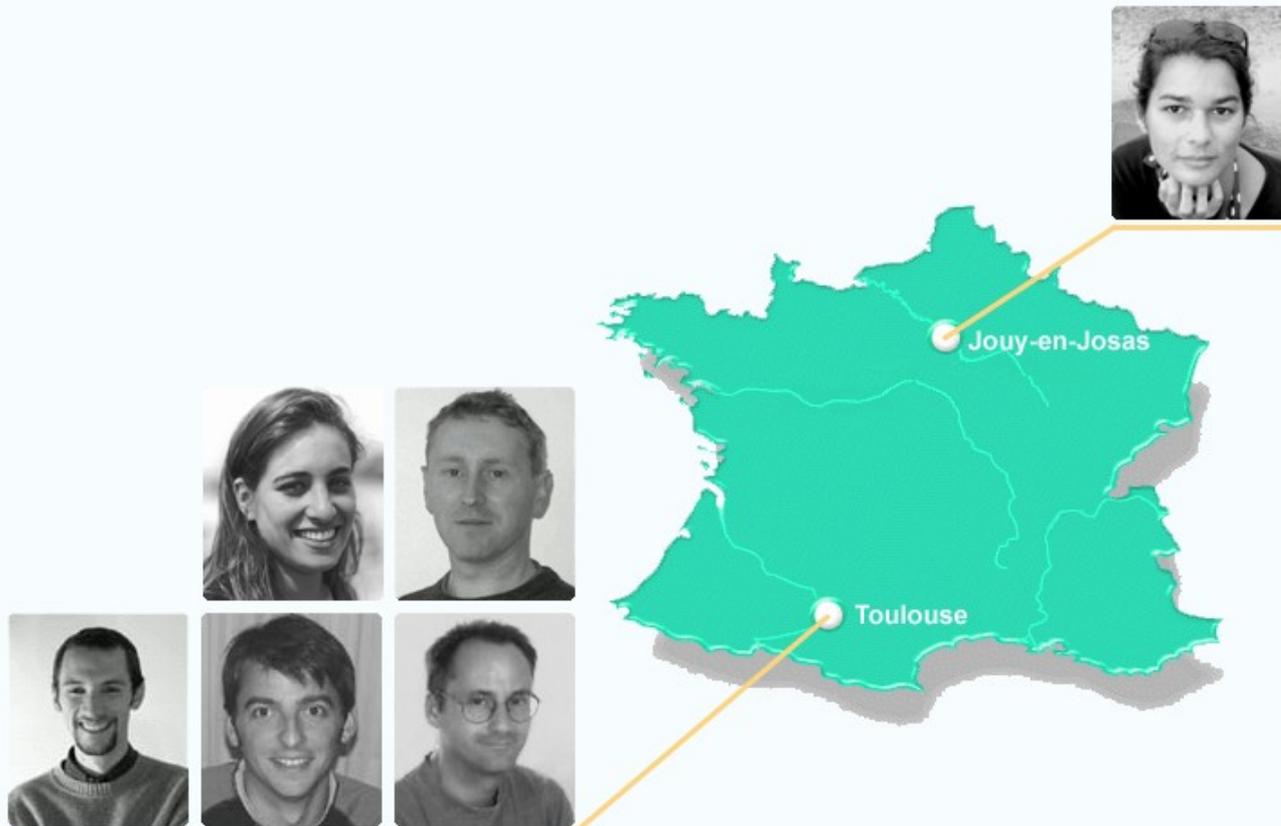
En bref 

Rester en contact 

First Name	Last Name	Localization	Phone Number	Email Address
Maria	Bernard	Jouy-en-Josas	33 1 34 65 25 77	Marie.Bernard[at]jouy.inra.fr
Philippe	Bardou	Toulouse	33 5 61 28 57 09	Philippe.Bardou[at]toulouse.inra.fr
Cédric	Cabau	Toulouse	33 5 61 28 54 60	Cedric.Cabau[at]toulouse.inra.fr
Patrice	Dehais	Toulouse	33 5 61 28 57 08	Patrice.Dehais[at]toulouse.inra.fr
Sarah	Maman	Toulouse	33 5 61 28 57 08	Sarah.Maman[at]toulouse.inra.fr
Christophe	Klopp	Toulouse	33 5 61 28 50 36	Christophe.Klopp[at]toulouse.inra.fr

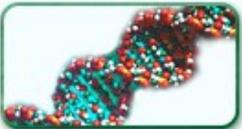
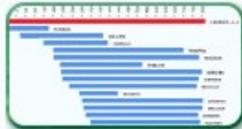
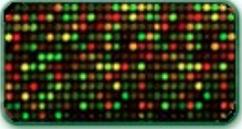
Project Coordinator: Christophe Klopp

Map



- Navigation**
- **Tools**
 - AGScan
 - Cytoscape
 - Genotoul Tools
 - Galaxy**
 - Public Plot
 - Public sequence extractions
 - SigLearning
 - SigReannot
 - Taverna
 - TMeV
 - + **Data**
 - + **Documentation**
 - + **Publication**
 - + **Contact**
 - External Links

Documentation about ...

 <p>Sequences</p>	 <p>Assembly</p>	 <p>Contigs</p>
 <p>MicroArrays - BASE Users Guide</p>	 <p>MicroArrays - BASE Modifications</p>	 <p>MicroArrays - BASE Plugins</p>
 <p>MicroArrays - BASE to GEO</p>	 <p>AGScan</p>	

Tools

Options ▾

Your user name: smaman

Your file path : /work/smaman/

1 - UPLOAD YOUR DATA

Get Data

2 - FILES MANIPULATION

Text ManipulationFilter and SortJoin, Subtract and GroupConvert Formats3 - SEQUENCES
MANIPULATIONFASTA manipulationFASTQ manipulationSAM/BAM manipulation : Picard
(beta)SAM/BAM manipulation : SAM
Tools

4 - MAPPING

BWA - Bowtie

5 - INDEL ET SNP

Indel AnalysisRNA-SeqGATK Tools (beta)

6 - SRNASEQ

Analyse des miRNAAnnotationsAlignement sur reference**WELCOME ON SIGENAE GALAXY WORKBENCH**

Galaxy is a workbench available for biologists from Sigenae Platform. Galaxy objectives are:

- Make bioinfo Linux tools accessible to biogists.
 - Hide the complexity of the infrastructure.
- Allow creation, execution and sharing of workflows.

History

Options ▾



TP FastQC

54.0 Mb

8: FastQC_data 5.html **6: GM.fastqsanger** **5: h1.fastqsanger** **4: FastQC_data
18.html** **3: FASTQ Summary
Statistics on data 18** **2: FASTQ Summary
Statistics on data 18**

76 lines, 1 comments
format: tabular, database: ?
Info: 99115 fastq reads were processed.
Based upon quality values and sequence characters, the input data is valid for: sanger
Input ASCII range: '#'(35) - 'C'(67)
Input decimal range: 2 - 34
Epilog : job finished at ven mai 11 10:36:43 CEST 2012



1	2	3	4	5	6
#column	count	min	max	sum	mean
1	99115	2	33	3194703	32.2
2	99115	2	34	3156652	31.8
3	99115	2	34	3145060	31.7
4	99115	2	34	3120431	31.4
5	99115	2	34	3096075	31.2

Merci pour votre écoute

Remerciements



Fonds Européen
de Développement Régional

