

Réseau régional d'ingénieurs en bioinformatique

Bilan pour l'année 2013

Ce réseau a été initié fin 2010, par le PPF Bioinfo de Lille1 sur les directives d'Hélène Touzet.

Objectif

Il doit permettre aux personnes qui utilisent des méthodes, outils et ressources en bioinformatique ou qui en développent, de partager leurs compétences et leur expérience quelque soit leur organisme d'origine (Universités, CNRS, INRA, INRIA, INSERM, CHRU, etc...). L'objectif de ce réseau n'est pas de traiter des sujets de recherche en bioinfo, mais de l'utilisation experte d'outils ou de ressources. L'aspect régional est important : le fait de se connaître et de se rencontrer régulièrement permet aux informations de mieux circuler.

Fonctionnement

- 4 réunion par ans pour échanger des retours d'expériences et des informations (sur les projets en cours, les événements comme les congrès ou les formations),
- des réunions thématiques selon les intérêts des participants (ex thématique « calcul intensif »),
- une liste de diffusion (bioinfo-inge@univ-lille1.fr),
- un wiki (<http://wikis.univ-lille1.fr/bioinfo-inge>) regroupant les présentations des séminaires et les comptes-rendus des réunions
- des séminaires et tutoriels largement ouverts au-delà du réseau

Profils des participants

40 participants sont inscrits sur la liste de diffusion. La plupart ont un profil d'« utilisateur expert » d'outils bioinfo et développent des scripts permettant d'utiliser et d'intégrer des outils existants. Plusieurs domaines sont représentés : analyses en épidémiologie génétique, analyse de transcriptome, protéomique, génomique, analyse de données NGS. Un participant a un profil d'administrateur de ressources utilisées par la communauté bioinfo (cluster et grille).

Interaction avec le pôle calcul

Nous avons initié une collaboration avec le pôle calcul de l'université pour faire prendre en compte les besoins de calcul spécifiques de la communauté bio-informatique régionale, et pour mutualiser les nœuds de calculs de plusieurs unités.

Animation : Séminaires & tutoriels

Les séminaires et tutoriels sont organisés par des membres du réseau. Ils sont annoncés sur les listes régionales et sur la liste sfbi.fr. Ils sont ouverts aux communautés des bio-

informaticiens, biostatisticiens et biologistes, aussi bien aux ingénieurs qu'aux chercheurs, étudiants en thèse et en master. Le déplacement des orateurs invités est financé par le PPF bioinfo de Lille1. Les amphis et salles de TP sont mises à disposition par différentes tutelles (Institut Pasteur de Lille, Institut de Biologie de Lille, INRIA, CRI Université Lille1).

07/11/2013 - Séminaire + tutoriel - Institut de Biologie de Lille - organisé par Sophie Gallina
Anais Guebey, CLC bio, www.clcbio.com
Workshop CLC dédié à l'analyse des données NGS

15/10/2013 - Séminaire + tutoriel - Institut de Biologie de Lille - organisé par Sophie Gallina
Erwan Corre, Plate-forme AbiMS, Station Biologique de Roscoff
Gildas Le Corguillé, Université Pierre & Marie Curie
Assemblage de-novo de transcriptome - Trinity

25/06/2013 – Séminaire – Institut de Biologie de Lille – organisé par Olivier Sand
Morgane Thomas-Chollier - Ecole Normale Supérieure, IBENS
Analyse de données issues de ChIP-seq: comment passer des "reads" aux motifs de fixation pour des facteurs de transcription

17/06/2013 – Séminaire + Tutoriel Institut de Biologie de Lille - organisé par Guillaume Brysbaert
Oriol Guitart-Pla - Institut Pasteur, Paris
Cytoscape 3.0: The evolution of an open-source network visualization tool and its new extensions
Institut de Biologie de Lille architecture

23/05/2013 – Séminaire + Tutoriel - Institut de Biologie de Lille – organisé par Sophie Gallina
Christophe Blanchet - Infrastructure Distribuée pour la Biologie – CNRS-IBCP FR3302 – Lyon
IDB-cloud : Providing Bioinformatics Services on Cloud

22/05/2013 – Séminaire + Tutoriel - Institut de Biologie de Lille – organisé par Sophie Gallina
Bruno Zeitouni - Institut Curie - Inserm U900 – Mines ParisTech
SVDetect : a tool to identify genomic structural variations from paired-end and mate-pair sequencing data