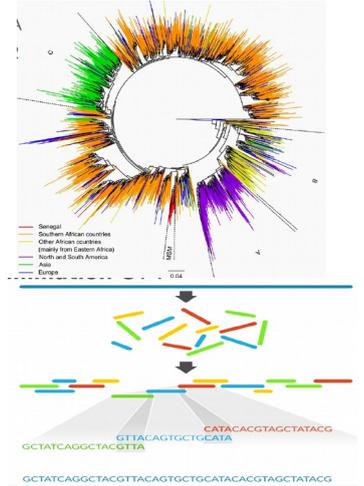


## Description

Plateforme de bioinformatique orientée vers la génomique comparative, évolutive et fonctionnelle  
 La plateforme fait partie des infrastructures nationales [IFB](#) et [France Génomique](#), elle est labellisé par [IBISA](#).

## Services

- *Evolution - Phylogénie*
  - Reconstruction d'arbres phylogéniques :
    - [FastME](#), [PhyML](#), [Phylogeny.fr](#), [NGphylogeny.fr](#)
  - Sélection de modèles : [SMS](#)
  - Visualisation : [PhyloType](#), [TreeDyn](#)
  - Datation : [LSD](#)
  - Super-arbres et réconciliations : [Mowgli](#), [PhySIC IST](#)
  - Placement phylogénétique : [RAPPAS](#)
- *Analyse de données NGS*
  - Correction de long reads : [LoRDEC](#), [LoRMA](#)
  - Assemblage de génome : [SAVAGE](#)
  - Traductome Ribo-sec : [RSCU](#), [pipeline](#) et outils de visualisation
  - Transcriptome : [CRAC](#), [MPscan](#)



## Équipements

- *Infrastructure ouverte sur le web*
  - 1 serveur web et 1 serveur de bases de données (MySQL et PostgreSQL)
  - 1 cluster de calcul de 16 nœuds de 20 cœurs et 192 Gb de RAM
  - 1 baie de disques de 32 Tb
- *Infrastructure accessible en interne (via ssh)*
  - 1 cluster de calcul de 14 nœuds de 12 cœurs allant de 72 à 192 Gb de RAM
  - 2 baies de disques de 40 Tb et 110 Tb

## Formations

- Phylogénie moléculaire – [formation de base et avancée](#)
- [Bioinformatique pour le traitement de données de séquençage \(NGS\)](#)
- [Bioinformatique pour les analyses métagénomiques](#)
- [Scripts en Python pour la bioinformatique et environnement Linux](#)

## Droits d'utilisation

Services gratuit via le site web de la plateforme. Formations payantes via le [site du CNRS](#)

## Contacts

- Eric Rivals : [rivals@lirmm.fr](mailto:rivals@lirmm.fr)
- Stephane Guindon : [guindon@lirmm.fr](mailto:guindon@lirmm.fr)
- Vincent Lefort : [vincent.lefort@lirmm.fr](mailto:vincent.lefort@lirmm.fr)

Site Internet: <http://www.atgc-montpellier.fr/>

