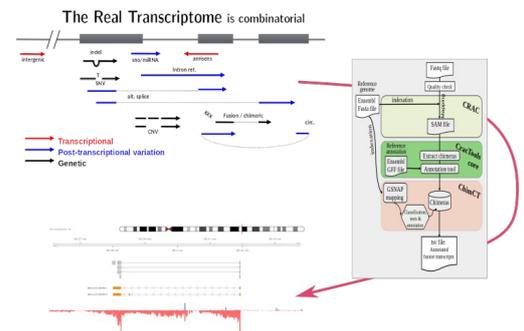


Description

La Plateforme BIO2M (Bio-Informatique et Bio-Marqueurs) est engagée dans la conception de nouveaux logiciels de traitement rapide des données NGS à grande échelle. Elle propose une expertise des méthodes d'analyse des données de séquençage haut-débit (NGS). Son champ d'application est la Recherche de biomarqueurs en santé humaine.

Services

- *NGS*
 - Conception et design de projets de séquençage haut-débit.
 - Conception de pipelines
- *Analyse des données DNA-Seq*
 - Recherche de mutations : [CracTools](#), Hisat2/Freebayes
- *Analyse des données RNA-Seq*
 - Vérification de la qualité des données : FastQC, KmerTool
 - Alignement sur génome de référence : [CRAC](#), STAR, Hisat2
 - Analyses d'expression différentielle avec approche par k-mers : [DE-kupl](#), CountTags
 - Analyses d'expression différentielle de gènes : Kallisto, SLEUTH, DE-Seq2, EdgeR
 - Recherche d'ARN et gènes de fusion : [ChimCT](#)
 - Reconstruction de transcrits incluant les ARN non codants : Stringtie



Équipements

- *Infrastructure accessible en interne (via ssh)*
 - 1 cluster de calcul de 24 nœuds (DX360) de 16 cœurs allant de 32 à 96 Go de RAM
 - 3 baies de disques pour un total de 100 Tb
 - 1 serveur de calcul de 32 cœurs et 320 Go de RAM
 - 1 serveur de gestion des services de 40 cœurs et 260 Go de RAM

Formations

- Formations courtes pour les biologistes et les bio-informaticiens (3-4 jours).
- Analyse de données NGS et leur exploitation : initiation aux analyses primaires de données NGS, outils d'analyse différentielle, initiation GNU/linux et R pour les biologistes.

Contacts

- COMMES Thérèse : therese.commes@inserm.fr
- BOUREUX Anthony : anthony.boureux@inserm.fr
- RUFFLE Florence : florence.ruffle@inserm.fr

[Site Internet Bio2M](#)