

| | |
|---|--|
| Nom de la plateforme | Bioinformatique / Biostatistiques |
| Responsable | Sébastien HERGALANT |
| E-mail | sebastien.hergalant@inserm.fr |
| Téléphone | 03 72 74 32 92 |
| Adresse complète | Campus Biologie Santé - Laboratoire NGERE - Inserm U1256 9 avenue de la forêt de Haye - Bâtiment C 54505 VANDOEUVRE-LES-NANCY |
| Établissement d'affiliation | Inserm / Université de Lorraine |
| Site internet | https://ngere.univ-lorraine.fr/plateaux-techniques/bioinformatique/ |
| Type d'activité de la plateforme | R&D ; Projets collaboratifs (recherche fondamentale et translationnelle) ; Formations / Enseignement ; Support |
| Domaine d'activité | Génomique / transcriptomique ; Protéomique ; Métabolomique ; Bio-informatique ; Lipidomique ; Génétique ; Modélisation ; Biostatistiques ; Biologie intégrative ; Multi-omiques ; Intelligence artificielle |
| Expertise | Formations en bioinformatique, analyse de données omiques, biostatistiques, langages de programmation, linux. |
| Description | <p>La plateforme de bioinformatique / biostatistiques répond aux besoins des équipes de la communauté scientifique en Lorraine dans le cadre de collaborations transversales. Ses principaux domaines de compétences sont :</p> <ul style="list-style-type: none"> - l'analyse de données omiques (transcriptomes, protéomes, méthylomes, épigénomes, métabolomes, exomes, génomes), - le multi-omique, la biologie des systèmes et la génomique intégrative, - les pipelines d'analyses automatiques, - la génétique des populations, - l'analyse de données de cytométrie en flux et de cytométrie de masse, - les transcriptomes en single-cell RNAseq, - l'intelligence artificielle, l'apprentissage automatique et le clustering en fouille de données. <p>Pipelines, outils et workflows sont spécifiques à chaque type omique, la technologie de mesure (puce, NGS, spectrométrie de masse) et ses limitations, et l'origine des données (expérimentale, jeux de données publiques, méta-analyses). Nous développons et proposons un large panel d'approches discriminantes/supervisées et d'approches sans à priori/non supervisées.</p> <p>L'équipe assure un rôle de soutien aux chercheurs :</p> <ul style="list-style-type: none"> - dans l'élaboration de leurs projets, - dans leurs demandes de financements, en rédigeant et détaillant les méthodes et les analyses bioinformatiques et statistiques envisagées, - en orientant la mise au point et le design des expérimentations, - en leur fournissant les moyens matériels, les ressources et les compétences nécessaires, - en développant des outils, protocoles et approches produisant des résultats reproductibles. <p>Activités pédagogiques</p> <p>Nous encadrons et accompagnons des étudiants de tous niveaux à partir du L3, biologistes, informaticiens, et internes de médecine et pharmacie. Nous accueillons également doctorants et post-doctorants.</p> <p>Nous organisons des formations aux analyses omiques, aux analyses de données NGS, aux contrôles qualités, à R (tous niveaux), aux biostatistiques, à bash</p> |

| | |
|------------------------|--|
| | <p>(manipulation tous niveaux, administration système) et linux (scripting, automatisation).</p> <p>Infrastructures Le cluster de calcul haute performance s'articule autour d'une infrastructure de serveurs et systèmes alimentant le plateau technique de bioinformatique, avec des espaces de travail partagés et accessibles en haute disponibilité. Le cluster inclut 5 serveurs linux et 6 baies de disques, avec plus de 200 cœurs de calcul, 5 To de mémoire et 300 To de données. Les infrastructures de stockage sont partagées et font partie du Bio Data Center du laboratoire.</p> |
| Mots clés | Bioinformatique ; Cancer ; Biologie des systèmes ; Biostatistiques ; Multi-omiques ; (Epi)Génétique ; (Epi)Génomique ; Lymphomes ; Tumeurs du SNC ; Maladies métaboliques ; Obésité ; Cluster de calcul |
| Secteur | Public |
| Localisation | Lorraine |
| Activité cancer | 70 % |