2 Bioinformatique, biostatistique

Bdx • Centre de Bioinformatique de Bordeaux (CBiB) - CGFB 23
Bdx • Centre de traitement de données (CTD) pour les essais en cancérologie 24
Lim • Plateforme de méthodologie de la recherche et de bioinformatique 25
Lim • Plateforme CIM - Plateau de Biomathématiques 26
Mtp • Centre de traitement de données (CTD) de Montpellier 27
Mtp • IMGT®, The international ImMunoGeneTics information system 28
Mtp • Service de biomathématique et de bioinformatique de l'IRB 29
Mtp • Plateforme Bioinformatique des NGS au sein d'ATGC ReNaBi Grand Sud 30
Nim • Aide à la décision médicale pour la médecine personnalisée : aspects méthodologiques. EA2415 31
Tls • GenoToul Bioinfo/Plateforme de bioinformatique 32
Tls • GenoToul Biostat/Plateforme biostatistique 33

Bdx

Centre de Bioinformatique de Bordeaux (CBiB)

Centre de Génomique Fonctionnelle de Bordeaux - CGFB

P02A | http://www.cbib.u-bordeaux2.fr

• Responsable scientifique

Macha Nikolski
macha@labri.fr, 05 57 57 12 47

• Responsable technique

Alexis Groppi
alexis.groppi@u-bordeaux2.fr, 05 57 57 12 18

• Descriptions et Activités

Le CBiB est un des composants du Centre de Génomique Fonctionnelle de Bordeaux (CGFB). Il fournit un accès à des ressources de calcul de haute performance, assure l'analyse des données et dispose d'une expertise en programmation.
Axe prioritaire 1 : Métabolomique
En collaboration avec la PF Métabolomique de Bordeaux, productrice des données, le CBiB est impliqué dans des projets en métabolomique (missions de service et thématique R&D).
Axe prioritaire 2 : Activité de service pour le traitement de données issues des Nouvelles Technologies de Séquencage (NGS).
Cet axe est réalisé en collaboration avec la PF Génome-Transcriptome de Bordeaux, productrice des données et avec GenoToul Bioinformatique à Toulouse dans le cadre du rapprochement initié ReNaBi/IBiSA (échanges de compétences techniques, mutualisation des formations aux biologistes, missions de service et thématique R&D).

• Equipements/personnels

Capacité de calcul : 32 CPUs - espace de stockage 5.2 To.
Dispositif haut débit : partenariat avec le Pôle M3PEC/ Mésocentre de la DRIMM (Direction des Ressources Informatiques et Multimédia Mutualisées) de l'Université Bordeaux 1. La PF offre à ses partenaires des moyens de calcul de très haute performance. Le supercalculateur actuel est un IBM P575 offrant pour l'interactif 1 noeud de 16 processeurs cadencés à 1,9 GHz et 64 Go de mémoire, et pour le traitement par lots 14 noeuds de 16 processeurs chacun, cadencés à 1,5 GHz et avec 32 Go de mémoire, soit 224 processeurs délivrant une puissance de crête de 1,34 Tflops et 448 Go de mémoire distribuée.

Personnel : 6

• Expertise - Prestations

Services proposés par le CBiB :
• Hébergement et exploitation de programmes et bases de données publiques.
• Hébergement et exploitation d'applications et/ou de données protégées par un accès sécurisé.
• Développement, exploitation et maintenance de bases de données et de services innovants d'intérêt national ou international.
• Réalisation de travaux de développement logiciel et/ou bioanalyse à façon.
• Encadrement de travaux d'ingénierie bioinformatique ou de bioanalyse
• Accueil et formation des utilisateurs de programmes bioinformatiques et de bases de données.
• Accueil et formation de biologistes à la programmation.
• Organisation de formations spécialisées.

• Spécificités, originalité

• Réseaux : PF membre du Réseaux National de Plateformes de Bioinformatique et grâce à cette appartenance, le groupe poursuit son activité dans le cadre de l'Institut Français de Bioinformatique (IFB) labellisé en 2012 au titre des Investissements d'Avenir Biologie et Santé. L'objectif à terme est de piloter pour IFB la mise en place d'une infrastructure entre les pôles de l'IFB (Core-IT et centres régionaux) avec une ouverture à tous les aspects technologiques des PF bioinformatiques (infrastructure -grille, cloud, cluster, HPC - mais également les technologies bioinformatiques - data et outils, intégration, diffusion).
• Qualité : certification qualité ISO 9001 (décembre 2012). PF stratégique de l'INRA (évaluation par la Commission Nationale des Outils Collectifs (CNOC) de l'INRA, 2008).

• Modalités d'accès

• Accès : équipes académiques/laboratoires privés.
Accès libre pour les applications en ligne.
Les prestations faisant appel à de l'ingénierie nécessitent une rencontre préalable pour établir les besoins des clients et définir le cadre des prestations dans un contrat de service.

• Adresse : Centre de Bioinformatique de Bordeaux
46 rue Léo Saignat - Case 68
33076 Bordeaux cedex.

• Certifications, labels, logos des partenaires

Bdx

CTD
Centre de traitement de données
Essais Cliniques Cancer Bordeaux

Centre de traitement des données (CTD) pour les essais en cancérologie - *Label INCa*

P02B

http://www.isped.u-bordeaux2.fr/FR_HTM_Recherche_Equipes.aspx, rubrique « CIC-EC7 » puis onglet « CTD Cancer

• Responsable scientifique

Simone Mathoulin-Pélissier
s.mathoulin@bordeaux-unicancer.fr
05 56 33 33 98

• Responsable adjoint

Adélaïde Doussau
adelaide.doussau@isped.u-bordeaux2.fr
05 57 57 56 63

• Descriptions et Activités

Conception d'essais cliniques académiques pour tous types de cancer, spécificité pour les sarcomes. Expertise méthodologique de haut niveau (choix de schémas optimaux, essais complexes, analyses à long terme). Qualité des données (e-CRF, randomisation, data-management).

• Equipement/personnels

Travail de collaboration et accès aux équipements et logiciels des unités : Unité de Recherche et Epidémiologie Cliniques (UREC) de l'Institut Bergonié, Unité de Soutien Méthodologique à la Recherche clinique (USMR) du CHU de Bordeaux, INSERM (U 897 Epidémiologie et Biostatistique, CIC-EC 7), Institut de Santé Publique, Epidémiologie et Développement de l'Université Bordeaux Segalen (ISPED).
Personnel : 2 et personnel des unités constituantes.

• Expertise - Prestations

• Expertise méthodologique et statistique
- Choix de schémas optimaux, conception et mise en oeuvre d'essais complexes
- Analyses à long terme
• Garantir la qualité des données
- Conception et informatisation des cahiers d'observation (e-CRF)
- Randomisation par internet
- Data management
• Développer des programmes d'innovation méthodologique et technologique en recherche clinique
- Méthodes de biostatistique et de bioinformatique et gestion des données
• Soutien aux essais sarcomes avec le GSF-GETO

• Spécificités, originalité

• Développements : programmes d'innovation méthodologique dans le CTD et dans 2 réseaux européens : Tenalea et Ecrin. Développement de l'axe méthodologique et ouverture à d'autres promoteurs du CGSO et du territoire national.
• Projets : 33 essais cliniques et études liées à des essais cliniques en 2012. Exemples : étude Optimon, évaluation de l'efficacité et du coût de 2 stratégies de monitorage pour la recherche clinique institutionnelle (G. Chêne). Etude Oncodage, validation d'un outil de dépistage gériatrique en oncologie (P. Soubeyran, M. Rainfray). Participation au SIRIC « BRIO », à la plateforme EUCLID (F-CRIN).
• Participation au réseau national des CTD.
• Qualité : Mise en place des procédures opératoires standardisées propres à la structure et démarche commune avec le référentiel qualité des CIC (HP-CIC 2010). Certification ISO 9001:2008 en cours d'unités participantes (certification programmée dans les 2 unités USMR et UREC).

• Modalités d'accès

• Adresse : Institut Bergonié - 229, cours de l'Argonne - 33076 Bordeaux cedex.

• Certifications, labels, logos des partenaires

Lim

CEBIMER

Plateforme de méthodologie de la recherche et de bioinformatique Cebimer/CHU

P02C

• Responsables scientifiques

Pierre-Marie Preux (Cebimer)
pierre-marie.preux@unilim.fr
05 55 43 59 84

Abdelghafour Marfak (CHU Limoges)
abdel.marfak@unilim.fr
05 55 05 61 80

• Descriptions et Activités

Regroupe le Cebimer et l'équipe bioinformatique du laboratoire d'hématologie du CHU Limoges. Plateforme de gestion et d'analyse statistique des données pour les PHRC nationaux, interrégionaux et locaux, analyses statistiques bioinformatiques appliquées à l'étude des cancers.
1. Aide méthodologique pour l'élaboration de protocoles hospitaliers de recherche clinique.
2. Manipulation des données à haut débit (Puces à ADN et PCR) pour l'étude du transcriptome.
3. Etude de la sélection d'antigène par les mutations somatiques.
4. Développement d'outils mathématiques et logiciels pour standardiser des données issues de différents cytomètres.

• Equipements/personnels

Serveur IBM quadri-processeurs, logiciel Capture System (Data management), SAS 9.13 client serveur, MedCalc, Nquery Advisor, Epi-Info. Prévu : Dictionnaires MedDRA et WHO-DRUG.

Personnel : 7

• Expertise - Prestations

• Avis méthodologique, aide à la rédaction des protocoles, cahiers d'observations, protocoles de recherche clinique, et rapports d'études, création de listes de randomisation et gestion pratique de la randomisation tout au long du protocole, élaboration et gestion des bases de données; déclaration à la CNIL, contrôle et validation des données, extraction des données, analyse statistique et aide à la valorisation; aide à l'analyse des données produites par étude des séquences de gène (études des mutations), par études haut-débit (PCR et Transcriptome) et par cytométrie en flux.

• Spécificités, originalité

• Projets : Profils d'expression génique et étude de la différentiation plasmocytaire dans les lymphomes B du lymphocyte B commise dans la réponse immune secondaire (J. Feuillard). Réseau Biocolon (N. Tubiana Mathieu).
• Certification ISO 9001 envisagée à 3 ans. Respect d'un système qualité interne organisé autour de 2 procédures opératoires standardisées (POS), 7 instructions opératoires générales (IOS), 14 IOS Data Management, 4 IOS statistiques.

• Modalités d'accès

• Adresse : Unité Fonctionnelle de Recherche - Clinique et Biostatistique - Faculté de Médecine - 2 rue du Dr Marcland- 87025 Limoges cedex.
• Collaboration avec l'industrie pharmaceutique : aide méthodologique, création de bases de données cliniques, gestion des données et analyses statistiques.
• Tarifs selon grille de surcoûts ou devis.

Lim

Plateforme Cytométrie Imagerie et Mathématiques (CIM)

Plateau de Biomathématiques IFR 145 GEIST

P02D | http://www.unilim.fr/CIMLimoges

• Responsable scientifique

Jean Feuillard
jean.feuillard@chu-limoges.fr
05 55 05 67 40

• Contact

Abdelghafour Marfak
abdel.marfak@unilim.f
05 55 05 61 80/05 55 43 58 67

• Descriptions et Activités

Plateau intégré à la PF CIM Limoges : Cytométrie, Imagerie et Mathématiques qui a pour objectif de répondre aux besoins des projets de recherche des équipes de l'Université de Limoges, offrir des services de R&D, développer des programmes de recherche nationaux et internationaux, collaborer avec des partenaires industriels.

• Equipement/personnels

Serveur de calcul à distance (CALI : Calcul en Limousin).

Personnel : 1

• Expertise - Prestations

La diversité des laboratoires qui composent l'IFR 145 permet au service d'acquérir des compétences techniques très diverses dans différents domaines de la biologie :
• quantification de la similarité/dissimilarité entre les données de cytométrie en flux (CMF)
• calcul de divergence multi-dimensionnelle (3 dimensions et plus)
• estimation de l'écart à la normalité
• mise en œuvre de méthodes mathématiques post-acquisition de standardisation de données de CMF
• des programmes informatiques ou logiciels de correction d'images de CMF
• des classifications et prédiction de classes: application en cancérologie
• détermination automatisée du diagnostic des lymphomes à cellules B
Offre de formations continues universitaires et nationales (DESC Hématologie Biologique).

• Spécificités, originalité

• Développement de formalismes mathématiques et des applications (logiciels) pour la CMF, standardisation des données de CMF, développement de procédures de calcul pour la détermination automatisée du diagnostic des lymphomes à cellules B, création d'un logiciel de standardisation post-acquisition des données de CMF.
• Perspectives : développement du Logiciel «Tumour Cell Tracking» (normalisation des données de cytométrie inter-appareillages). Développement des mathématiques appliquées à l'analyse d'images.
• Exemple de projets : maladie résiduelle dans les Leucémies Aigues Myéloïdes (STIC), cibles thérapeutiques dans les hémopathies malignes (Cancéropôle GSO), développement d'un outil mathématique pour un diagnostic automatisé des hémopathies lymphoïdes B par cytométrie en flux (CORC).
• Démarches en hygiène, sécurité et qualité en cours. Demande de labellisation Ibisa.

• Modalités d'accès

• Accès : PF ouverte au niveau national (secteurs public et privé).
Prestation de service ou projet de collaboration.
• Tarifs : selon appartenance, en ligne.
• Adresse : Plateforme Cytométrie Imagerie et Mathématiques 2 rue du Dr Marcland
87025 Limoges Cedex

Institut régional du Cancer Montpellier | Val d'Aurelle

P02E

Centre de traitement de données (CTD) de Montpellier - *Label INCa*

• Responsable scientifique

Sophie Gourgou-Bourgade
sophie.gourgou@icm.unicancer.fr
04 67 61 37 75

• Descriptions et Activités

Mission de conception, de gestion et d'analyse des essais cliniques académiques en cancérologie.
Qualité et sécurité des données (Randomisation, e-CRF, data-management).
Expertise méthodologique permettant l'optimisation de l'interprétation des résultats d'études cliniques ou biologiques, selon 2 axes de recherche prioritaires :
Axe 1 : Amélioration de la qualité des essais cliniques par l'analyse longitudinale de la qualité de vie, l'élaboration de recommandations des critères de survie en cancérologie et l'évaluation de nouvelles méthodes statistiques de recherche de dose pour la conception des essais précoces.
Axe 2 : Amélioration des analyses de données fondamentales et translationnelles dans les domaines de l'immunociblage, la radiobiologie et la biologie moléculaire.
Equipe impliquée dans plusieurs projets INCa, Cancéropôle GSO et PHRC nationaux.

• Equipements/personnels

Equipement : Logiciels spécialisés pour la planification des essais cliniques (EaST) ; la randomisation (TenAlea, Clinsight®) ; la gestion des données biomédicales (Clinsight®, eCRF) ; l'analyse statistique (Stata/SAS/R) ; le Dictionnaire MedDRA

Personnel : 18

• Expertise - Prestations

Soutien aux AAP : ANR, INCa ….
Membres d'IDMC industriels et académiques
Révision d'articles scientifiques

• Spécificités, originalité

• DATACENTER (plateforme de Data-Management) pour la gestion des données de l'ensemble de la recherche biomédicale promue par R&D UNICANCER.
• Réseaux : Centre de traitement de données - CTD INCa / Statisticien des centres de lutte contre le cancer / Groupe des Utilisateurs Francophones du CDISC (GUF) / Ouverture à d'autres promoteurs du GSO et du territoire national.
• Démarche Qualité : Certification ISO 9001 envisagée à 3 ans. Respect d'un système de qualité interne basé sur des procédures opératoires standardisées

• Modalités d'accès

• Adresse : Parc Euromédecine
34298 Montpellier cedex 5.
ctdcancer@icm.unicancer.fr

• Certifications, labels, logos des partenaires

Institut National du Cancer

UNICANCER

Mtp

IMGT®, the international ImMunoGeneTics information system®

IGH, UPR CNRS 1142, Université Montpellier 2

http://www.imgt.org

P02F | http://www.imgt.org

• Responsable scientifique

Marie-Paule Lefranc 04 34 35 99 65
Marie-Paule.Lefranc@igh.cnrs.fr

• Responsable technique

Patrice Duroux
patrice.duroux@igh.cnrs.fr

• Descriptions et Activités

Créé en 1989 par Marie-Paule Lefranc (Université Montpellier 2 et CNRS), IMGT® est le premier et, à ce jour, le seul système d'information intégré en immunogénétique au niveau mondial. Référence internationale en immunogénétique et immunoinformatique (marque déposée du CNRS en Union Européenne, Canada et Etats-Unis).
IMGT® est spécialisé dans les séquences, structures et données génétiques :
- des immunoglobulines (IG) ou anticorps, des récepteurs T (TR) et des protéines majeures d'histocompatibilité (MH) des vertébrés,
- des protéines des superfamilles IgSF et MhSF et des protéines apparentées du système immunitaire (RPI) des vertébrés et invertébrés,
- des anticorps monoclonaux (mAb) et des protéines de fusion (FPIA, fusion protein for immune applications) à visée thérapeutique.
IMGT® comprend 7 bases de données, 17 outils interactifs et plus de 15.000 pages de ressources Web.

• Equipement/personnels

20 postes, 10 serveurs, 16 processeurs, 50 coeurs, 6 To d'espace disque.

• Bases de données IMGT® :
- 4 de séquences (IMGT/LIGM-DB, IMGT/MH-DB, IMGT/PRIMER-DB, IMGT/CLL-DB),
- 1 de gènes (IMGT/GENE-DB),
- 1 de structures tridimensionnelles (3D) (IMGT/3Dstructure-DB),
- et 1 d'anticorps thérapeutiques (IMGT/mAb-DB).
• Outils interactifs en ligne IMGT® pour l'analyse :
- de séquences (séquences nucléotidiques: IMGT/V-QUEST, IMGT/JunctionAnalysis; séquences NGS: IMGT/HighV-QUEST; séquences protéiques: IMGT/DomainDisplay, IMGT/DomainGapAlign),
- de gènes (IMGT/GeneInfo, IMGT/GeneFrequency, etc.),
- et de structures (IMGT/Collier-de-Perles, etc.).
• Ressources Web IMGT® : plus de 15.000 pages (IMGT Scientific chart, basé sur les concepts d'IMGT-ONTOLOGY, IMGT Repertoire, IMGT Education, etc.).
• Personnel : 16

• Expertise - Prestations

• IMGT® est utilisé en recherche fondamentale, vétérinaire, pharmaceutique et médicale, en génomique, en biotechnologie relative à l'ingénierie et à l'humanisation des anticorps et dans les approches thérapeutiques (greffes, vaccinologie, immunothérapie).
• IMGT/mAb-DB : base de données des anticorps thérapeutiques et FPIA, en collaboration avec le programme Dénomination Commune Internationale DCI (International Nonproprietary Names INN) de l'OMS.
• IMGT/HighV-QUEST : outil-phare d'IMGT®, le seul, à ce jour, disponible en ligne pour l'analyse du séquençage haut-débit NGS du répertoire immunitaire (IG et TR), 570 utilisateurs de 38 pays en juin 2013 (510 millions de séquences depuis octobre 2010).

• Spécificités, originalité

• Spécificité cancer: IMGT® est utilisé pour l'analyse:
- des séquences du répertoire des sites anticorps et des récepteurs T dans les leucémies, lymphomes, myélomes,
- des séquences des IG et TR pour la détection et le suivi des maladies résiduelles,
- des mutations des IG comme facteur de pronostic de la leucémie lymphoïde chronique,
- des séquences et structures en biotechnologie relative à l'ingénierie et à l'humanisation des anticorps et dans les approches thérapeutiques (IG/antigène, récepteurs T/peptide/MH (HLA chez l'homme).
• Synergies : Ensembl (EBI), Vega (Wellcome Trust Sanger Institute), UniProt (SIB), Gene (NCBI).
• Réseaux collaboratifs : IMGT® est membre du Réseau National des plateformes Bioinformatiques ReNaBi, Partenaire d'ELIXIR, membre de l'European Research Initiative on CLL (ERIC), membre du GDR Bioinformatique Moléculaire (BiM) et du GDR Anticorps et ciblage thérapeutique (ACCITH), membre de BioCampus Montpellier, partenaire du Labex MabImprove (Tours, Montpellier). IMGT® est membre institutionnel de l'International Medical Informatics Association (IMIA).
• Démarche Qualité : Certification ISO 9001:2008 (depuis octobre 2010), label IQuaRe.

• Modalités d'accès

• Accès : Public/privé.

• Adresse : IMGT - LIGM - Institut de Génétique Humaine IGH - 141 rue de la Cardonille - 34396 Montpellier cedex 5

• Certifications, labels, logos des partenaires

ReNaBi

Mtp

PrognoWeb

Service de biomathématique et bioinformatique

IRB – *Service d'institut*

P02G | http://irb.montp.inserm.fr

• Responsable scientifique

Thierry Rème
thierry.reme@inserm.fr
04 67 33 01 92

• Descriptions et Activités

Exploitation des données biologiques à haut-débit (transcriptome par puces, PCR, ..) rapprochées des données cliniques de patients de pathologie documentée pour construire des outils de classifications diagnostique, pronostique et en réponse aux traitements, à partir de méthodes biomathématiques développées en propre (Bioinformatics, 2013). Utilisation de ces outils pour prédire la classification et l'orientation thérapeutique des nouveaux patients, ainsi que pour extraire de nouvelles cibles thérapeutiques des données.
Utilisation intégrative des données cliniques et biologiques haut-débit pour le diagnostic, pronostic, réponse au traitement et aide à la décision thérapeutique.

• Equipements/personnels

2 serveurs

Personnel : 1

• Expertise - Prestations

https://gliserv.montp.inserm.fr/PrognoWeb
Classification pronostique par évaluation du risque à partir de données brutes de puces à ADN pour le myélome multiple, le cancer du sein et les gliomes.

• Spécificités, originalité

• Interface d'analyse web pour les utilisateurs de la plateforme : démonstration «Remote Analysis of Gene Expression» sur http://rage.montp.inserm.fr
• Perspectives : développement d'un outil web accessible aux scientifiques et clinciens non spécialisés, permettant de filtrer, trier et analyser avec les méthodes statistiques supervisées et non supervisées, d'établir les liens avec les autres sites web de bioinformatique, de visualiser et comparer des courbes de survie (rechute, décès) dans des cohortes choisies. Outil actualisé en fonction des derniers développements de la littérature

• Modalités d'accès

• Accès PrognoWeb : libre.
• Accès Rage : collaboration.
• Adresse : IRB/Inserm U 1040 - CHU Saint-Eloi - 80 Av. Augustin Fliche - 34295 Montpellier cedex 5.

Mtp

Plateforme Bioinformatique des NGS au sein d'ATGC

ReNaBi Grand Sud

P02H

http://www.atgc-montpellier.fr/ngs

• Responsable scientifique

Eric Rivals
rivals@lirmm.fr
04 67 41 86 64

• Responsable technique

Vincent Lefort
vincent.lefort@lirmm.fr
04 67 14 97 62

• Descriptions et Activités

Services d'analyse bioinformatique de données obtenues par séquençage haut-débit et mise à disposition des logiciels. Les thématiques concernent l'analyse de données génomiques (DNA-seq), transcriptomique (RNA-seq, micro-arrays, Digital Gene Expression) pour la recherche de variants génomiques ou la caractérisation des transcriptomes.
ATGC permet de diffuser et valoriser les outils bioinformatiques développés au sein de la communauté régionale, de favoriser les collaborations entre partenaires informaticiens et biologistes, d'apporter une aide informatique aux chercheurs biologistes.

• Equipement/personnels

Équipement : un cluster de calcul de 216 cœurs avec une baie de stockage de 10 To.

Personnel : 3 permanents, 1 temporaire.

• Expertise - Prestations

Services proposés :

- Mapping sur un génome de référence ou un transcriptome assemblé
- Estimation des taux d'erreurs et identification de bases erronées
- Analyse et annotion de tags SAGE et DGE (Digital Gene Expression)
- Prédiction de variations génomiques: SNV, small and medium size indels, etc.
- Identification des junctions d'épissage et des reads qui les couvrent
- Identification d'ARN de fusion potentiels ou d'ARN chimériques
- Annotation et classification des régions transcrites

• Spécificités, originalité

• Spécificité : développement d'algorithmes et logiciels performants pour les NGS (MPSCAN, CRAC). Combinaison de divers séquençages pour les analyses transcriptomiques (RNA-seq et DGE) ; prédiction de nouveaux transcrits codants et non codants.
• Originalité : prédictions des ARNs de fusion candidats à partir de RNA-seq ; organisateur Variathon 2013.
• La plateforme est membre et participe aux projets nationaux Investissements d'Avenir « France Génomique » et « Institut Français de Bioinformatique ».
• Réseaux : Bioinformatique et statistiques du Cancéropôle GSO, European COST Action : NGS Data Analysis Network ; RENABI.

• Modalités d'accès

• Accès : public et privé, services ou collaboration.

• Adresse :
Laboratoire d'Informatique, de Robotique et de Microélectronique de Montpellier - LIRMM UMR 5506, Université Montpellier 2 - CC 477, 161 rue Ada - 34095 Montpellier Cedex 5.

• Certifications, labels, logos des partenaires

Mtp

Aide à la décision médicale pour la médecine personnalisée : aspects méthodologiques. EA2415 *-Equipe de recherche & Service hospitalier*

P021 http://www.iurc.montp.inserm.fr/

• Responsable scientifique

Paul Landais
paul.landais@chu-nimes.fr
04 11 75 98 41

• Responsables techniques

Pr P. LANDAIS, Pr J.P. DAURES, Dr S. LEROY

• Descriptions et Activités

Cette nouvelle équipe en continuité de la précédente dirigée par le Pr J.P. DAURES consultant dans la nouvelle équipe a 4 axes longitudinaux et 2 spécificités transversales. Axe A : Méthodes en épidémiologie oncologique ; Axe B : Méthodes en épidémiologie clinique et approche micro-économique ; Axe C : Méthodes en recherche translationnelle, biologie moléculaire & imagerie ; Axe D : Modèles systémiques d'organisation des prises en charge hospitalière et approche macro-économique. Les 2 spécificités transversales sont la qualité de vie et l'évaluation médico-économique et la gestion des bases de données (beaucoup d'individus à nombre limité de données ou peu d'individus avec beaucoup de données.

• Equipements/personnels

Equipement informatique complet.

Personnel : 21 personnes (4 thésards, 10 titulaires ARC, 4 stagiaires, 2 PU-PH, 1 PH…).

• Expertise - Prestations

Expertise méthodologique sur l'évaluation comparative, des procédures de diagnostic, de pronostic, thérapeutique. Analyse de bases de maladies rares et de grandes bases de données. Mise en place et analyse d'études médico-économiques notamment sur les dispositifs médicaux et les innovations. Les prestations peuvent se limiter à l'analyse statistique ou concerner l'écriture d'un protocole, sa mise en place, le suivi, ….

• Spécificités, originalité

• Originalités techniques :
Méthodologie : maladies rares, médico-économie, processus, médecine prédictive, aide à la décision, évaluation médico-économique avec qualité de vie, analyse des filières de soins et des nouvelles stratégies de prise en charge, analyse des procédures de diagnostic, généralisation des courbes ROC.
• Spécificité cancer : évaluation du réseau ONCOLR (RCP), responsable de la méthodologie et de l'évaluation de Dépistage 34 (sein et colon). Registre des tumeurs de l'Hérault et Registre des tumeurs du Gard. Thèses et travaux sur la valeur prédictive des cellules circulantes, la valeur discriminante des marqueurs avec un gold standard à 3 niveaux ordinaux, modélisation de la survie globale à partir de la survie libre de récidive, lien entre précarité et tout ce qui est lié au cancer et analyse des procédures diagnostic et thérapeutique des personnes insuffisances cérébrales porteuses de cancers.

• Modalités d'accès

• Adresse : Institut Universitaire de Recherche Clinique, 641 avenue Gaston Giraud, 34093 Montpellier
Ouvert de 8h30 à 19h00.

• Certifications, labels, logos des partenaires

Université Montpellier 1 — Faculté de Médecine Montpellier

GenoToul Bioinfo / Plateforme de bioinformatique

P02J | http://bioinfo.genotoul.fr/

• Responsable scientifique

Christine Gaspin
Christine.Gaspin@toulouse.inra.fr
05 61 28 52 82

• Responsable opérationnel

Christophe Klopp
Christophe.Klopp@toulouse.inra.fr
05 61 28 50 36

• Descriptions et Activités

Mise à disposition d'une infrastructure adaptée et performante, des principales banques de données (séquences) et des logiciels de base de la bioinformatique.
Formation des biologistes à la bio-informatique.
Appui aux programmes scientifiques de biologie et de bioinformatique.

• Equipement/personnels

Baie de stockage de 300 To.
Cluster de calcul (2000 coeurs).
Serveurs de virtualisation (>60 machines virtuelles) et serveurs de fichiers et de bases de données.

Personnel : 6 permanents et 3 temporaires (sept 2013).

• Expertise - Prestations

Service : Calcul à grande échelle, espace de stockage, formation à l'utilisation de l'infrastructure. Mise à disposition des principales banques de séquences en biologie (Genbank,…) et logiciels de base en bioinformatique (BLAST, SRS,…). Formation aux méthodes et outils de la bioinformatique. Appui aux programmes scientifiques (traitement des séquences issues des nouvelles technologies de séquençage haut débit (Illumina HiSeq & MiSeq, Roche 454, PacBio, Ion torrent...): nettoyage/assemblage de séquences, recherche de polymorphismes, annotation de génomes, métagénomique, Chip-seq... ; prédiction de gènes (protéines, ARN) ; analyse comparative de génomes,…

• Spécificités, originalité

• Projets : la plateforme coordonne un projet IBISA de prédiction et d'annotation des ARN non codant (http://www.rnaspace.org). Plus d'une dizaine de projets sont aussi réalisés annuellement, essentiellement autour du traitement des données issues des nouvelles technologies de séquençage.
La plate-forme stocke les données issues des séquenceurs de la plate-forme génomique https://genomique.genotoul.fr/ dans l'environnement NG6 : http://ng6.toulouse.inra.fr/.

• Modalités d'accès

• Accès : accès via le site web (logiciels avec site web). Demande d'ouverture de compte utilisateur ou projet,…. Demandes d'appui aux programmes scientifiques (email à anim.bioinfo@toulouse.inra.fr).

• Adresse : INRA BIA- Auzeville BP 52627 - 31326 Castanet-Tolosan.

• Certifications, labels, logos des partenaires

Tls

GenoToul Biostat / Plateforme biostatistique

P02K | www.math.univ-toulouse.fr/biostat.

• Responsable scientifique

Sébastien Déjean
biostat@math.univ-toulouse.fr
05.61.55.69.16

Magali San Cristobal
Magali.san-cristobal@toulouse.inra.fr

• Descriptions et Activités

La plateforme mutualise les compétences des chercheurs en mathématiques et biologie pour l'étude des données générées par la biologie quantitative à haut débit. Elle apporte une expertise et un accompagnement pour l'utilisation et le développement de méthodologies statistiques et logiciels appropriés.

• Equipements/personnels

Personnel : 3

• Expertise - Prestations

Service : Montage et accompagnement de projets scientifiques impliquant la génération et l'analyse de tout type de données quantitatives à haut débit (transcriptomique, protéomique, métabolomique, interactions moléculaires etc.). Veille scientifique et technique autour de l'analyse statistique des données issues des technologies de la biologie quantitative à haut débit. Animation scientifique de groupes de travail mensuel et atelier national annuel. Développement de nouvelles méthodes d'analyse statistique pour répondre à de nouvelles questions biologiques.

• Spécificités, originalité

• Développements : outils développés (publications, logiciels, supports de cours) en libre accès sur le site web.

• Modalités d'accès

• Accès : priorité aux laboratoires de R&D publics et privés de Midi-Pyrénées.

• Adresse : Inst. de Mathématiques - UMR CNRS 5219 - Univ. de Toulouse – INSA - 31077 Toulouse cedex 4

• Certifications, labels, logos des partenaires