

LE NUMÉRIQUE SCIENTIFIQUE POUR L'AMÉLIORATION GÉNÉTIQUE

South Green, une communauté

Une plateforme collaborative (Bioversity, Cirad, INRA, IRD, SupAgro) de bioinformatique appliquée à l'analyse de ressources génétiques, génomiques pour l'étude de la diversité et de l'adaptation de plantes tropicales et méditerranéennes aux stress environnementaux

Un réseau de bioinformaticiens pour mutualiser le développement AGILE d'outils innovants utilisés par des scientifiques dans le cadre de leurs projets.

Des projets de recherche finalisée interdisciplinaire et synergique entre le Nord et le Sud

Faire face au tsunami de big-data hétérogènes issues de nouvelles technologies haut débit (~ 500 To)

- Des séquences ou objets génomiques et leurs annotations : marqueurs moléculaires, chromosomes, gènes, mRNA, polypeptides
- Des objets relationnels plus complexes à base de graphes : arbres phylogénomiques, groupes de microsyténie, réseaux de gènes co-exprimés
- Comment contrôler la qualité, LES organiser, analyser, exploiter, visualiser, interroger via le web sémantique, lier pour des méta-analyses ?

<http://www.southgreen.fr>



Faire face au tsunami de big-data hétérogènes issue de nouvelles technologies haut débit

- Cartographie et analyse de la diversité génétique
- Annotation de gènes, analyse de familles et génomique comparative
- Gestionnaire de workflows d'analyse de séquences adapté au big-data pour une science ouverte et reproductible.

Références

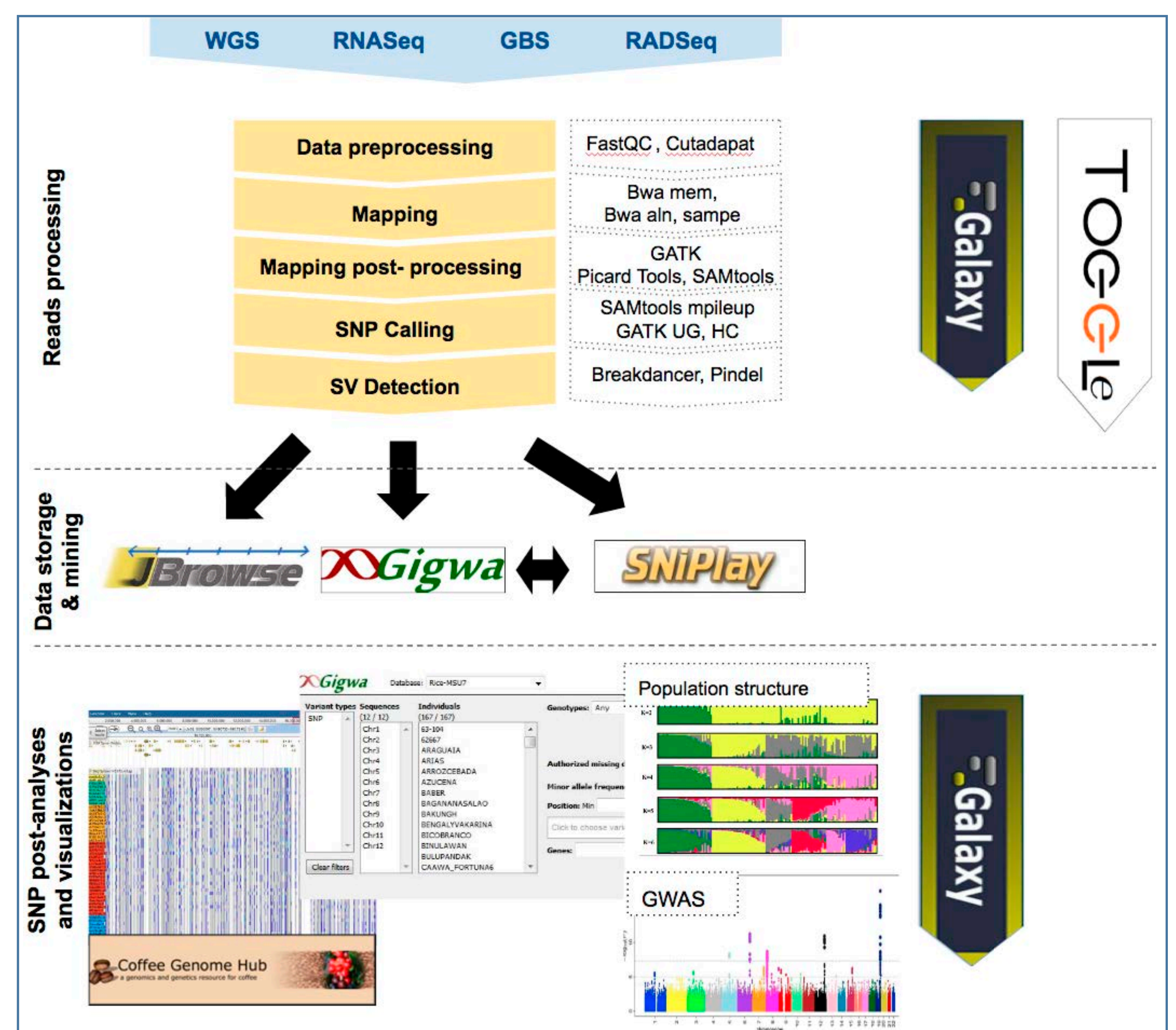
South Green collaborators, 2016, The South Green portal: a comprehensive resource for tropical and Mediterranean crop genomics. Current Plant Biology, 7-8, 6-9.

Viser une large opérationnalité

- Utilisée par la communauté scientifique internationale.

Pour qui ?

- Etudiants, enseignants, techniciens, ingénieurs, chercheurs



Perspectives

Améliorer la gestion de ressources informatiques de biodiversité utilisées ou produites dans le cadre de projets collaboratifs de South Green

- Amélioration continue des plateaux d'infrastructures internes hardware (DDN), middleware (iRODS) et software (noSQL)
- Développement de tableaux de bord d'applications interconnectées pour l'analyse visuelle intégrative multi-échelles
- Licences pour les ressources comme les applications web
- Mise en œuvre de plans de gestion de ressources bioinformatiques facilitant le dépôt dans les entrepôts thématiques type NCBI/SRA ou EMBL-EBI/ENA
- Utilisation de standards de métadonnées, d'ontologies et de vocabulaires contrôlés.

South Green Collaborators: Bocs¹ S., Couvin¹ D., de Lamotte¹ F., Dereeper² A., Droc¹ G., Dufayard¹ J. F., El Hassouni¹ N., Farcy¹ C., Gkanogiannis¹ A., Guignon³ V., Hamelin¹ C., Hueber³ Y., Larivière¹ D., Larmande⁴ P., Martin¹ G., Monat⁴ C., Ortega-Abboud¹ E., Pitollat¹ B., Pointet¹ S., Ravel⁵ S., Rouard³ M., Ruiz¹ M., Sabot⁴ F., Sarah¹ G., Sempéré⁶ G., Summo¹ M., Tando⁴ N., This¹ D. and Tranchant-Dubreuil⁴ C.

CIRAD ¹UMR AGAP, ²UMR IPME, ³Bioversity, ⁴UMR DIADE, ⁵UMR BGPI, ⁶UMR InterTRYP
Contact : southgreen@cirad.fr

Partners



Networks

