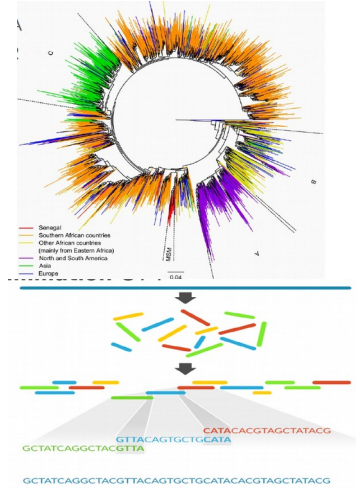


Description

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
- Stephane Guindon : guindon@lirmm.fr
- Vincent Lefort : vincent.lefort@lirmm.fr

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