



Emmanuel Barillot
emmanuel.barillot@curie.fr
Tél : +33 1 56 24 69 80

Philippe Hupe

Activité

La plate-forme de bioinformatique de l'Institut Curie est composée de trente bioinformaticiens, de statisticiens et d'ingénieurs informatiques qui proposent une expertise multidisciplinaire pour soutenir les plates-formes biotechnologiques, les unités de recherche et l'hôpital dans leurs activités quotidiennes. Nos compétences vont de l'analyse statistique de données, la gestion de données, le développement de logiciels et le calcul à haute performance.

Nous avons cinq missions principales :

1. l'intégration de données et de connaissance,
2. le support en bioinformatique et en analyse de données pour les projets collaboratifs avec les biologistes et cliniciens,
3. le conseil et la formation en biostatistique et la bioinformatique,
4. le support pour le calcul à haute performance,
5. la coordination des activités de bioinformatique au sein de l'Institut Curie.

Objectifs

- analyse statistique de données cliniques et biologiques obtenues à partir de technologies à haut-débit telles que le séquençage, la spectrométrie de masse, les puces protéiques, le phénotypage cellulaire ou les microarrays,
- développement, maintenance et lancement des pipelines bioinformatiques automatiques, en particulier pour le processing des données issues des plate-formes biotechnologiques ;

- contrôle qualité et analyse de premier niveau
- mise en place d'un système d'information permettant l'intégration et le partage de données, la recherche de données, leur visualisation et leur analyse
- support aux programmes de médecine de précision
- développement de nouvelles méthodes biostatistiques et outils bioinformatiques
- support au calcul haute performance et utilisation de technologies Big Data

Réseau

La plate-forme bioinformatique a mené des collaborations avec pratiquement toutes les unités du centre de recherche et de nombreux départements de l'hôpital dans l'Institut Curie. Pendant des années, la plate-forme de bio-informatique a également développé de nombreux partenariats en France et à l'étranger (Institut Pasteur, Mines ParisTech, INSERM, CNRS, APHP, Cancéropole ...) et participe à plusieurs initiatives nationales ou internationales clés. Pour n'en citer que quelques unes, mentionnons notre implication dans France Génomique, l'Institut Français de Bioinformatique, l'Institut National du Cancer, ReNaBi, le réseau SIRIC. Nous aussi avons été impliqués dans plusieurs projets européens tels que ABS4NGS, FP7 MAARS, FP7 RAID.

Services

- analyse bioinformatique et biostatistique des données, comme par exemple le NGS, la spectrométrie de masse, la RPPA, le phénotypage cellulaire
- Management des données
- Conseils en biostatistique et en bioinformatique
- Accès au calcul à haute performance
- Accès à des stations de travail bioinformatique
- Accès à des logiciels d'analyse de données

Équipement

La plate-forme dispose d'une importante infrastructure informatique, gérée par l'équipe informatique de l'Institut Curie: un système de stockage de 2 PB, un cluster de calcul avec 2000 cpus, différents postes de travail de bioinformatique. Un informaticien de plate-forme bio-informatique est dédié à l'optimisation des pipelines exploitants cette infrastructure de calcul à haute performance avec les technologies Big Data. La gestion de l'infrastructure est assurée dans la Direction de l'informatique.

Formation

Pour promouvoir l'analyse de données par les biologistes et les cliniciens, nous proposons :

- des outils destinés aux biologistes et cliniciens pour faciliter l'exploitation de leurs données (interfaces web que nous avons développées, Ingenuity, Partek)
- des sessions de formation sont organisées en collaboration avec d'autres bioinformaticiens au sein de l'Institut Curie en analyse de données (microarray, NGS, analyse de réseau), en statistiques ou sur l'utilisation de logiciels commerciaux (Ingenuity, Partek)
- une activité de conseil en bioinformatique et biostatistique

Publications clés

Année de publication : 2018

Forget Antoine, Martignetti Loredana, Puget Stéphanie, Calzone Laurence, Brabetz Sebastian, Picard Daniel, Montagud Arnau, Liva Stéphane, Sta Alexandre, Dingli Florent, Arras Guillaume, Rivera Jaime, Loew Damarys, Besnard Aurore, Lacombe Joëlle, Pagès Mélanie, Varlet Pascale, Dufour Christelle, Yu Hua, L. Mercier Audrey, Indersie Emilie, Chivet Anaïs, Leboucher Sophie, Sieber Laura, Beccaria Kevin, Gombert Michael, D. Meyer Frauke, Qin Nan, Bartl Jasmin, Chavez Lukas, Okonechnikov Konstantin, Sharma Tanvi, Thatikonda Venu, Bourdeaut Franck, Pouponnot Celio, Ramaswamy Vijay, Korshunov Andrey, Borkhardt Arndt, Reifenberger Guido, Pouillet Patrick, D. Taylor Michael, Kool Marcel, M. Pfister Stefan, Kawauchi Daisuke, Barillot Emmanuel, Remke Marc, Ayrault Olivier (2018 Sep 10)

Aberrant ERBB4-SRC Signaling as a Hallmark of Group 4 Medulloblastoma Revealed by Integrative Phosphoproteomic Profiling

Cancer Cell : 34 : 379-395 : [DOI : 10.1016/j.ccell.2018.08.002](https://doi.org/10.1016/j.ccell.2018.08.002)

Année de publication : 2015

Natasha Zamudio, Joan Barau, Aurélie Teissandier, Marius Walter, Maté Borsos, Nicolas Servant, Déborah Bourc'his (2015 Jun 26)

DNA methylation restrains transposons from adopting a chromatin signature permissive for meiotic recombination.

Genes & development : 1256-70 : [DOI : 10.1101/gad.257840.114](https://doi.org/10.1101/gad.257840.114)

Servant N., Varoquaux N., Lajoie B.R., Viara E., Chen C.J., Vert J.P., Heard E., Dekker J., Barillot E. (2015 Jan 1)

HiC-Pro: an optimized and flexible pipeline for Hi-C data processing

Genome biology : 16 : 1

Année de publication : 2013

Dillies M.A., Rau A., Aubert J., Hennequet-Antier C., Jeanmougin M., Servant N., Keime C., Marot G., Castel D., Estelle J., Guernec G., Jagla B., Jouneau L., Laloë D., Le Gall C., Schaëffer B., Le Crom S., Guedj M., Jaffrézic F., Consortium F.S. (2013 Jan 1)

A comprehensive evaluation of normalization methods for Illumina high-throughput RNA sequencing data analysis.

Briefings in bioinformatics : 14 : 671-683 : [DOI : 10.1093/bib/bbs046](https://doi.org/10.1093/bib/bbs046)