

CeMEB
La plateforme
MBB

<http://mbb.univ-montp2.fr>

Online Tools

- [Genepop](#)
- [Blast my DB](#)
- [Structure](#)
- [MAFFT](#)
- [PhyML](#)
- [more ...](#)

Downloads

- [Genepop](#)
- [HGT simul](#)
- [CoMap](#)
- [Migraine](#)
- [Genetix](#)
- [more ...](#)

Data

- [OrthoMaM](#)
- [Polymorphix](#)
- [more ...](#)

On Talk

- [News](#)
- [Events](#)
- [Publications](#)

Montpellier Bioinformatics Biodiversity platform

The **MBB Platform** is a joint initiative of laboratories within the **CeMEB LabEx "Mediterranean Center for Environment and Biodiversity"**. Its goal is to stimulate/coordinate research, developments and training in the fields of theoretical and computational ecology and evolution.

Keywords:

- softwares and databases for ecology and evolution
- standard & home-made tools
- downloads & online resources
- phylogenomics, NGS, population genetics, population dynamics, ecological modelling

Associated Labs

- [ISEM](#)
- [CEFE](#)
- [CBGP](#)
- [AMAP](#)

[Platform Load](#)

[Help & Frequently Asked Questions](#)

[Team & Contact](#)

Génèse du projet

Recherche à l'interface biologie / mathématique / informatique en hausse constante (stockage, analyse des données, modélisation, méthodes...)

- mutualisation possible (matériel, concepts, outils).
- un affichage nécessaire pour exister en bioinformatique, un domaine très concurrentiel aujourd'hui.

Création d'une plateforme soutenue par l'ISEM dès 2010.

MBB : qu'est-ce que c'est ?

- Un environnement informatique pour la recherche en environnement, écologie et la biodiversité composé de :
 - La possibilité d'utiliser un certain nombre de logiciels publics du domaine de façon conviviale au travers d'une interface graphique.
 - Un site Web de travail collaboratif.
 - Un site permettant la distribution des ressources *maison* (logiciel, données...).
 - Une plateforme de calcul intensif sous linux.

[NGS](#)[Phylogenomics](#)[Population Genetics](#)[Population Dynamics](#)[Ecological Modelling](#)[All Online Tools](#)[All Downloads](#)[All Data](#)[All Docs & Events](#)[Search](#)

Downloads

- Software
- Sources

Software

[Expand all](#) - [Reduce all](#)  Items : 15 / 16

> [Baobab](#)

Baobab is an editor for large phylogenetic trees written in Java. ree editor means that it allows you to create and/or modify a tree interactively, adding/(re)moving branches and nodes, changing leave names, setting parameters. Baobab focuses on edition, not representation and display that are only used as a tool to make edition easier. arge means that Baobab includes tools to simplify the task of managing heavy dataset (typically dealing with several hundred species).

Author(s) Julien Dutheil

Version 3.31

Platform Linux - Windows

Source Yes

Downloads 0

[Official web site](#)

> [CoMap](#)

A C++ shell program to detect co-evolving groups of sites CoMap performs the following tasks: - Compute probabilistic substitution maps - Test for pairs/groups of sites that do not evolve independently.

Author(s) Julien Yann Dutheil

Version 1.3.0

Platform Linux - Windows - Mac

Source Yes

Downloads 0

[Official web site](#)

> [Detsel](#)

R-package program to detect markers responding to selection.

Author(s) Renaud VITALIS

Version 0.8

Les objectifs (i)

- Pallier au manque de visibilité de nos domaines de recherche sur le plan informatique avec, entre autre, la distribution et la démonstration de nos logiciels et un référencement adéquat.
- Augmenter les collaborations inter-équipes et entre les laboratoires par des développements, des calculs et des résultats partagés (maintenant LabEx CeMEB).
- Fournir de la puissance de calcul répartie entre les laboratoires (solution à définir).

Online Tools

- Genepop
- Blast my DB
- Structure
- MAFFT
- PhyML
- more ...

Downloads

- Genepop
- HGT simul
- CoMap
- Migraine
- Genetix
- more ...

Data

- OrthoMaM
- Polymorphix
- more ...

On Talk

- News
- Events
- Publications

User 0 / 5 Group 0 / 5 Guest restrictions

-- light way --

MACSE *Multiple Alignment of coding sequence*

proposed by : Vincent RANWEZ, Sebastien HARISPE, Frederic DELSUC, Emmanuel DOUZERY
version 0.8b2 - [Download here.](#)

[show abstract](#)

 required  conditionally required  optional

 E-mail

> **Examples**

Type of example ? Pseudogene ENSEMBL 454

[Apply configuration](#)
[reset configuration](#)

> **Sequences**

 Sequences : please enter either :

1. Select a file: **Aucun f... choisi**
2. [or Select a file from my repository](#)
3. [or the actual data here:](#)

[\(help on sequence format\)](#)

- GAP creation (negative value)
- GAP extension (negative value)
- Frame shift cost (negative value)
- Cost of a stop codon not at the end of the sequence (negative value)

> **Sequences less reliable**

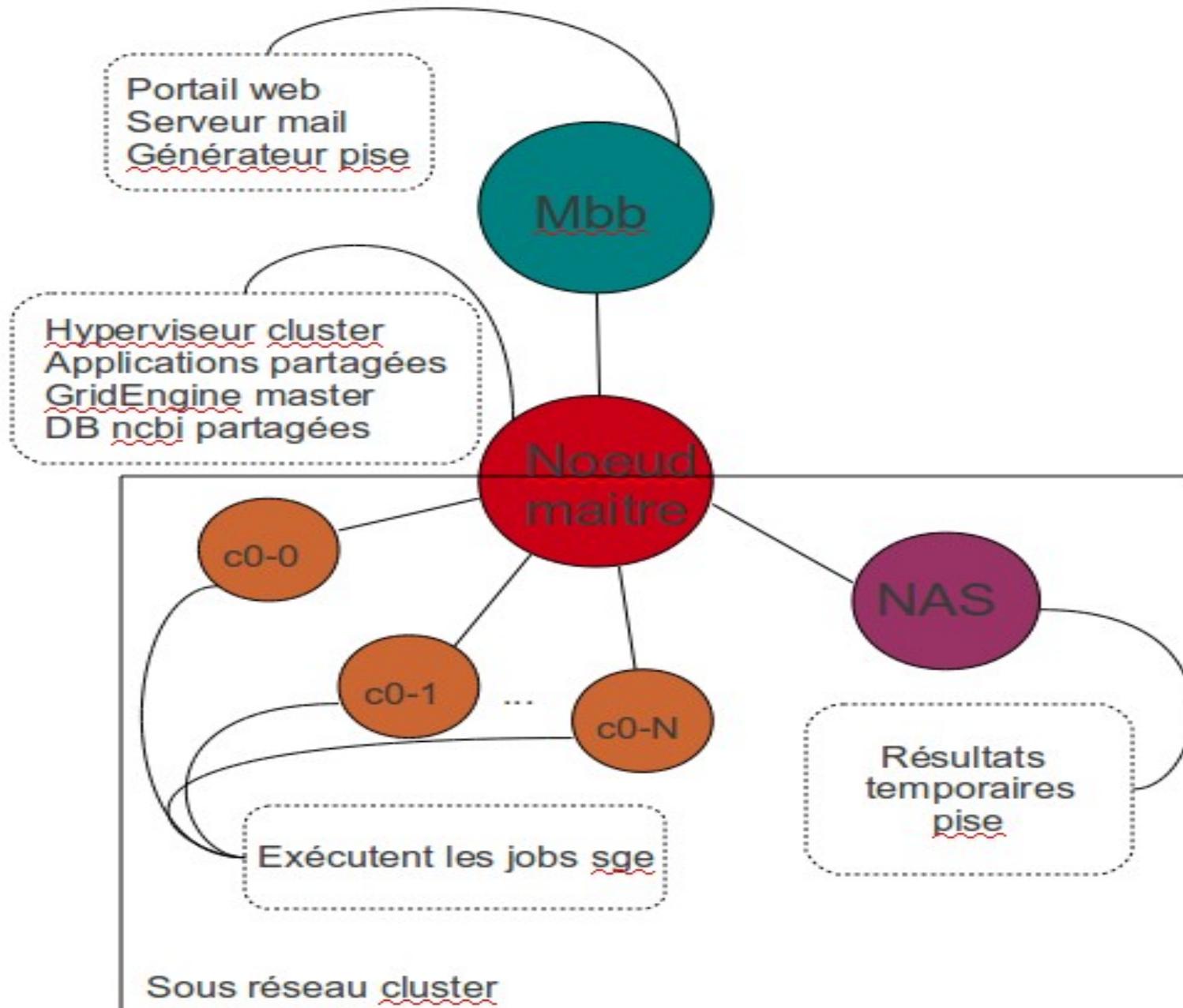
> **Genetic codes**

[default genetic code](#)

Les objectifs (ii)

- Aujourd'hui :
- Faciliter l'accès pour les utilisateurs et les invités.
- Stimuler l'animation scientifique
- En faire un espace très utilisé qui vit de lui-même (côté évènementiel à développer ?)

Sur le plan technique



Sur le plan technique

- Cluster sous Linux CentOS *Rocks Cluster* (www.rocksclusters.org)
- Environ 85 logiciels installés qui ont nécessité une vingtaine de bibliothèques spécifiques.
- 65 outils accessibles en ligne
- dont 28 outils développés par des laboratoires membres du LabEx

Sur le plan technique

- D'un point de vue matériel :
 - 13 nœuds de calcul
 - 2 petits serveurs de stockage - NAS
 - 1 machine de management du cluster – Frontend
 - 1 serveur Web
 - 104 cœurs, 528 Go de RAM et 2 NAS (au total environ 8To).

NGS

Phylogenomics

Population Genetics

Population Dynamics

Ecological Modelling

All Online Tools All Downloads All Data All Docs & Events Search

Online Tools

- Genepop
- Blast my DB
- Structure
- MAFFT
- PhyML
- more ...

Downloads

- Genepop
- HGT simul
- CoMap
- Migraine
- Genetix
- more ...

Data

- OrthoMaM
- Polymorphix
- more ...

On Talk

- News
- Events
- Publications

Usage

Cpu used	Cpu available	Cpu not in service	Total Cpu
0 (0%)	64 (62%)	40 (38%)	104 (100%)

Percentage of use :



Jobs Listing

No jobs currently.

Compute nodes details

Name	Architecture	Processor	Load average	Memory	Mem used	Swap	Swap used
compute-0-1.local	lx26-amd64	8	0.04	47.2G	428.9M	7.8G	0.0
compute-0-13.local	lx26-amd64	8	0.10	47.1G	522.2M	7.8G	0.0
compute-0-14.local	lx26-amd64	8	0.00	47.1G	469.0M	7.8G	0.0
compute-0-15.local	lx26-amd64	8	0.06	47.1G	497.6M	7.8G	0.0
compute-0-16.local	lx26-amd64	8	0.07	47.1G	464.7M	7.8G	0.0
compute-0-18.local	lx26-amd64	8	0.00	47.2G	479.8M	7.8G	0.0
compute-0-19.local	lx26-amd64	8	0.06	47.2G	477.2M	7.8G	0.0
compute-0-3.local	lx26-amd64	8	-	15.7G	-	7.8G	-
compute-0-4.local	lx26-amd64	8	-	15.7G	-	7.8G	-
compute-0-5.local	lx26-amd64	8	0.02	47.2G	458.8M	7.8G	0.0
compute-0-6.local	lx26-amd64	8	-	47.2G	-	7.8G	-
compute-0-7.local	lx26-amd64	8	-	15.7G	-	7.8G	-
compute-0-8.local	lx26-amd64	8	-	47.2G	-	7.8G	-



Du côté du site Web

- Site développé en HTML/CSS/Javascript + PHP/MySQL
- Des récupérations de contenu bibliographiques hebdomadaires grâce aux services Web rss de pubmed.
- Du point de vue de l'administration de la plateforme :
 - 5 sections, 5 thématiques différentes (NGS, Phylogenomics, Population Genetics, Population Dynamics, Ecological Modelling)
 - Environ plus de 2000 jobs lancés depuis janvier 2011.

NGS

Phylogenomics

Population Genetics

Population Dynamics

Ecological Modelling

All Online Tools All Downloads All Data All Docs & Events Search

PubMed News

Choose a section...

▾ **NGS**

- A Scheduling Algorithm for Computational Grids that Minimizes Centralized Processing in Genome Assembly of Next-Generation Sequencing Data.
- Exploring the cancer genome in the era of next-generation sequencing.
- Next generation sequencing for profiling expression of miRNAs: technical progress and applications in drug development.
- Next-generation sequencing demands next-generation phenotyping.
- Efficient and robust RNA-seq process for cultured bacteria and complex community transcriptomes.
- RNA-Seq Reveals Different mRNA Abundance of Transporters and Their Alternative Transcript Isoforms during Liver Development.
- Next-generation sequencing for minimal residual disease monitoring in acute myeloid leukemia patients with FLT3-ITD or NPM1 mutations.
- Insights into Chinese prostate cancer with RNA-seq.
- Annotation of primate miRNAs by high throughput sequencing of small RNA libraries.
- RNA-Seq analysis uncovers transcriptomic variations between morphologically similar in vivo- and in vitro-derived bovine blastocysts.
- A new algorithm for quantifying binding site pattern similarity with applications for Next Generation Sequencing.
- The complete mitogenome of *Cylindrus obtusus* (Helicidae, Ariantinae) using Illumina Next Generation Sequencing.

▸ **Phylogenomics**

▸ **Population Genetics**

▸ **Population Dynamics**

▸ **Ecological Modelling**

4

Du côté du site Web

- Une administration décentralisée : gestion des groupes (labo) par un administrateur local.
- Cet administrateur local peut créer des utilisateurs et attribuer des niveaux de visibilité différents pour les outils mis en ligne.
 - Actuellement : environ 30 utilisateurs et 4 groupes
- Un outil de monitoring des ressources (espace utilisé, charge temps réel, historique des actions sur la plateforme, historique des jobs).

Help



- Help & FAQ

Users



- Manage users
- 0 Account request

Events



- Add Event
- Edit Event

Dataset



- Add Dataset
- Edit Dataset

Tags



- Add Tag
- Edit Tag

Messages



- My messages (0)
- Send Message

Softwares



- Add Software
- Edit Software

Databases



- Add Database
- Edit Database

Online tools



- Add online tool
- Edit online tool

Groups



- Add Group
- Edit Group

Logs



- Consult log

Sources



- Add Source
- Edit Source

Documents



- Add Document
- Edit Document

Subsections



- Add Subsection
- Edit Subsection

Files management



- Update a file for a specific user
- See all storage spaces

Software

Name * [?]

NAME_FIRST

Summary * [?]

Authors

* [?]

Unknown

Version

* [?]

1

Platform

* [?]

 Linux Windows Mac

Source

* [?]

 Yes No

Website

[?]

UNKNOWN_TYPE

Upload

* [?]

 Aucun f... choisi

Score

* [?]

0

Groups

* [?]

Root

Visible

* [?]

 Yes No

Status

* [?]

 Public Private

Sections * [?]

 NGS Phylogenomic Population Genetics Population Dynamics Ecological Modelling

Subsections [?]

 Alignment Assembler Blast database Expression lesson Mapping Phylogenetic reconstruction Pipeline Tool

New subsections (separated by comma)

Tags [?]

 Apps Bio++ bwa De novo ISEM Jobim 2010 Mammalian parallel Quiz RNA-seq under development

New subsections (separated by comma)

Message * [?]

Private message for MBB platform moderators

A l'interface

- **Pise** : un outil fait de Perl / Python et qui génère des formulaires Web de soumission de job en HTML à partir de descripteurs en XML.
- Anciennement développé par l'institut Pasteur. Désormais plus maintenu (!) mais avec de nombreuses adaptations pour fonctionner selon nos besoins.
- Redondance assurée par une machine tierce de relais.
- Evolution de l'outil d'interfaçage à prévoir ? (Des solutions existent)