

Pipeline Bioinformatique en Nextflow: ropipe

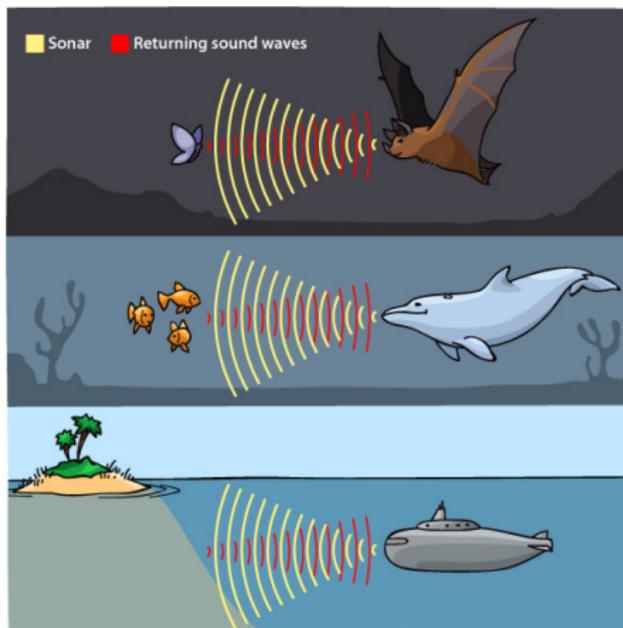
Jérémy Ganofsky, Carine Rey, Laurent Modolo, Marie Sémon

LBMC, équipe cigogne

23 mai 2019



La convergence ?

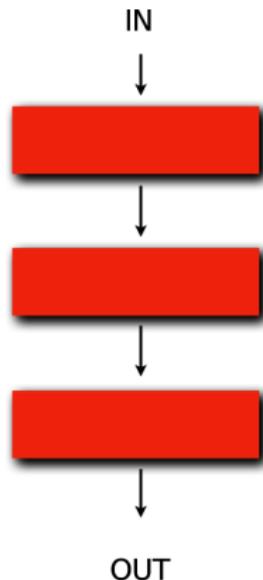


Exemple de convergence, l'écholocation entre les chauves-souris et les dauphins.

source : askabiologist.asu.edu

Pourquoi un pipeline ?

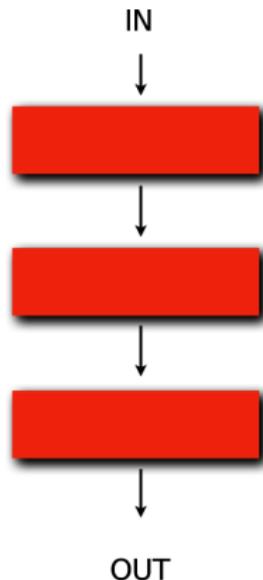
- Différentes étapes qui se suivent
- Reproductibilité
- Données séquençage massif (publiques ou produites en interne)
- Plusieurs jeux de données
- Mise à disposition (pipeline complet ou partiel)



Pourquoi nextflow ?

nextflow

- Langage facile à appréhender
- Facilite la création des pipelines
- Briques indépendantes (bash, python, R,...)
- Conteneurisation facile (**Docker**, Singularity, Conda)
- Portabilité (fichier de configuration)
- Reprise sur erreur
- Facile à installer et à lancer



Usage

- Utilisation dans l'équipe
- Prise en main facile
- Pipeline non linéaire plus compliqué
- Transportabilité (Docker)

Remerciements

Merci à : Carine Rey, Laurent Modolo, l'IFB et le PSMN

Merci pour votre attention

