

Chers utilisateurs et utilisatrices,

Voici quelques nouvelles et événements que nous souhaitons partager avec vous.

### Responsabilité Sociale et Environnementale

L'équipe de la plateforme a décidé de se pencher sur l'empreinte carbone de son infrastructure informatique et de sensibiliser ses utilisateurs. Ce travail permettra entre autres d'élaborer une stratégie de renouvellement d'une grande partie de nos équipements courant 2024. C'est dans ce cadre que nous invitons tous les utilisateurs à participer au [Migale Digital Cleanup](#) du 13 au 17 mars. Il s'agit d'un challenge international **simple** et ludique avec pour objectif de contribuer à changer nos habitudes en matière de production, gestion et stockage de nos données. Aidez-nous à relever le défi !

### Ressources humaines

Le poste vacant d'administration système de la plateforme vient d'être ouvert à la [mobilité au fil de l'eau](#) ; n'hésitez pas à partager le profil dans vos réseaux y compris hors INRAE.

### Formations

Face à l'incertitude pesant sur les déplacements au mois de mars, nous avons opéré quelques changements sur 4 modules. Le module Galaxy a été basculé en visio (23/03), tandis que trois modules ont été reportés : langage R (5-6/04), NGS sous Galaxy (date à venir) et Metabarcoding (11-14/09). [Infos et inscriptions](#).

Nous souhaitons aussi vous faire connaître le [catalogue de formations de BioinfOmics](#), l'infrastructure de recherche INRAE en bioinformatique qui rassemble Migale, GenoToul-bioinfo, PlantBioinfoPF et SIGENAE.

### Mises à jour d'outils

Vous êtes très nombreux à utiliser R, Bioconductor et/ou Rstudio sur la plateforme. Avec près de 1500 paquets installés, les mises à jour de ces outils prennent du temps et doivent se faire avec précaution. Ainsi, nous mettons à jour ces outils/environnements de travail 1 à 2 fois par an ; la dernière version de [Bioconductor](#) a ainsi été installée sur Migale fin janvier 2023.

Vous êtes également de plus en plus nombreux à utiliser notre instance Galaxy. Là aussi, les mises à jour doivent être planifiées en avance afin de s'assurer du bon fonctionnement de Galaxy et de tous les outils qui y sont installés. Nous nous efforçons de faire une mise à jour majeure sur les deux mises à jour annuelles généralement proposées.

### Infrastructure et sécurité informatique

Nous vous avons informé le 24 février dernier qu'une machine virtuelle opérée par Migale avait été compromise ; elle héberge une application web en cours de développement et son administration était en partie déléguée à des utilisateurs. Nous avons travaillé avec la cellule en charge de la sécurité des Systèmes d'Information d'INRAE pour analyser cet incident et en comprendre les causes afin de mettre en place les mesures qui permettront d'éviter que cela se reproduise.

Par ailleurs, les cyber-attaques de tout type envers des infrastructures numériques ont sensiblement augmenté ces derniers mois. Nous observons en effet une augmentation des tentatives d'intrusion par "force brute" sur les serveurs de Migale. Ces menaces croissantes nous conduisent à faire évoluer rapidement certaines de nos pratiques pour renforcer la sécurité globale de notre infrastructure. Nous vous tiendrons informés de l'avancée de ces travaux.

Nous profitons de cet incident pour vous rappeler quelques points de sécurité basiques. Vos login et mots de passe vous sont personnels et ne doivent pas être communiqués à un tiers (stagiaire, collègue...). Le mot de passe Migale peut être réinitialisé sur ce site <http://migale.jouy.inra.fr/sssp/>, vous ne devez pas garder le mot de passe qui vous a été communiqué à l'ouverture de votre compte. Enfin, nous vous incitons à prendre connaissance et appliquer autant que possible les [dix règles d'or préventives](#) recommandées par l'Agence Nationale de la Sécurité des Systèmes d'Information.

#### Un de vos travaux réalisés sur la plateforme Migale

Dans leur [article](#), des collègues INRAE (SPO, Micalis, IJPB) et polonais ont étudié la diversité génétique et phénotypique de 56 isolats naturels de *Yarrowia lipolytica* isolés dans des environnements très variés. Ils ont fait leurs nombreuses analyses bioinformatiques sur la plateforme Migale : analyse de variants, analyses phylogénétiques, analyse de diversité génétique, analyse du pan-génome, GWAS, etc. Ils ont montré entre autres une très faible diversité nucléotidique et un pan-génome à peine différent du core-génome, malgré une grande variation phénotypique sans association apparente à des marqueurs génomiques.

N'hésitez pas à nous partager vos [travaux qui citent la plateforme](#).

#### Une de nos récentes contributions à vos côtés

Raphaëlle Péguilhan, en thèse à l'Institut de Chimie de Clermont-Ferrand (ICCF), travaille sur l'activité des microorganismes dans les nuages. Utilisatrice régulière de l'outil FROGS ([frogs.toulouse.inra.fr](https://frogs.toulouse.inra.fr)), elle a contacté Olivier pour comprendre pourquoi elle ne retrouvait pas toutes les espèces attendues lors de l'analyse d'un échantillon de composition connue. Cette problématique ne nous est pas inconnue. En effet, FROGS (plus précisément swarm) n'a pas la possibilité de discriminer des espèces dont les séquences sont très proches (un nucléotide de différence par ex.). Olivier a alors proposé une approche originale combinant les avantages des deux outils de metabarcoding DADA2 et FROGS, et les résultats ont montré que les espèces absentes des premières analyses pouvaient finalement être détectées avec cette approche hybride. Ce travail exploratoire a débouché sur une collaboration entre Raphaëlle et la plateforme Migale valorisée dans la publication "[Comparative analysis of bacterial diversity in clouds and aerosols](#)" : Olivier a analysé le jeu de données, participé à la rédaction de la partie Matériel et méthodes ainsi qu'à la relecture du manuscrit. Ces résultats ont par

ailleurs renforcé la volonté de faire évoluer FROGS en laissant le choix à l'utilisateur d'utiliser swarm ou DADA2. Les développements informatiques sont en cours.

Migalement vôtre,

L'équipe 