

Un catalogue interopérable

<https://frama.link/ifb-ag20-catalog>

Bryan Brancotte, Guillaume Charbonnier, Alban Gaignard, Nicolas Geysse, Thomas Rosnet, Hervé Ménager, Jacques van Helden

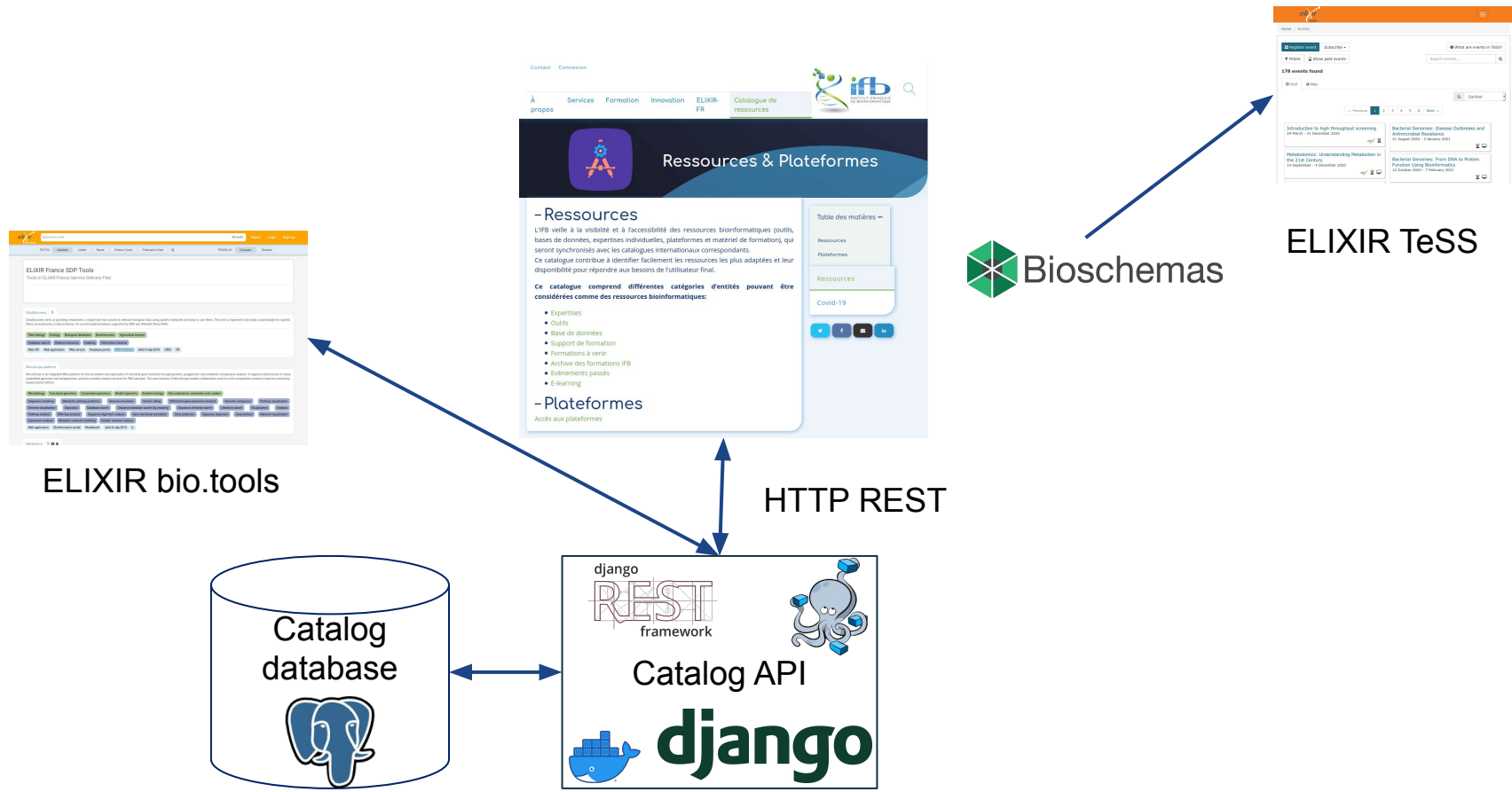
- Un catalogue pour promouvoir la **visibilité** et l'**accessibilité** des ressources bioinformatiques de la communauté.
- Types de ressources couverts
 - Outils logiciels
 - Bases de données
 - Organisations (plateformes, laboratoires, ...)
 - Personnes et expertises
 - Formations et matériels de formation
 - Et beaucoup d'autres
- **Synchronisé** avec l'ensemble des catalogues, registres et référentiels internationaux



Par exemple:

- Outils: [bio.tools](#)
- Formations: [TeSS](#)
- Workflows: [WorkflowHub](#)

A1.4 – Architecture



A1.4 – Data import

JEUX DE DONNÉES DÉVELOPPÉS PAR LES PLATEFORMES IFB

Base de données: - Any - [Filter] [Régénérer]

AgroLD	AnnotQTL	Aphidbase
Données proposées par South Green Rosard Mathieu, Ruiz Manuel, Tranchant Christine Publique Site web ↳ Visites en 2016 non renseignées	Données proposées par GenOuest Nicolas Jacques Accès libre. Non renseigné ↳ 2588 visites en 2016.	Données proposées par GenOuest Nicolas Jacques Non renseigné Site web ↳ 6943 visites en 2016.
Bacterial Genotyping	BactPepDB	BAIBASE
Données proposées par EBIO Gautheret Daniel Web server Site web ↳ Visites en 2016 non renseignées	Données proposées par RPBS Tufféry Pierre Service en ligne en accès libre. Possibilité d'analyse spécifique sur demande. Site web ↳ 130 visites en 2016.	Données proposées par BIGEst Thompson Julie Accès libre web ou téléchargement. Site web ↳ Visites en 2016 non renseignées

ELIXIR France SDP Tools
Tools in ELIXIR France Service Delivery Plan

DataDiscovery

Plant biology | Ecology | Biological databases | Bioinformatics | Agricultural science

Database search | Relation extraction | Linking | Information retrieval

Web API | Web application | Web service | Database portal | [Bio-3-Cloud](#) | [elixir-fr-sdp-2019](#) | [URIG](#) | [FR](#)

MicroScope platform

MicroScope is an integrated Web platform for the annotation and exploration of microbial gene functions through genomic, pangenomic and metabolic comparative analysis. It supports submissions of newly assembled genomes and metagenomes, and also provides analysis services for RNA-seq data. The user interface of MicroScope enables collaborative work in a rich comparative context to improve community-based curation efforts.

Microbiology | Functional genomics | Comparative genomics | Model organisms | Systems biology | Data submission, annotation and curation

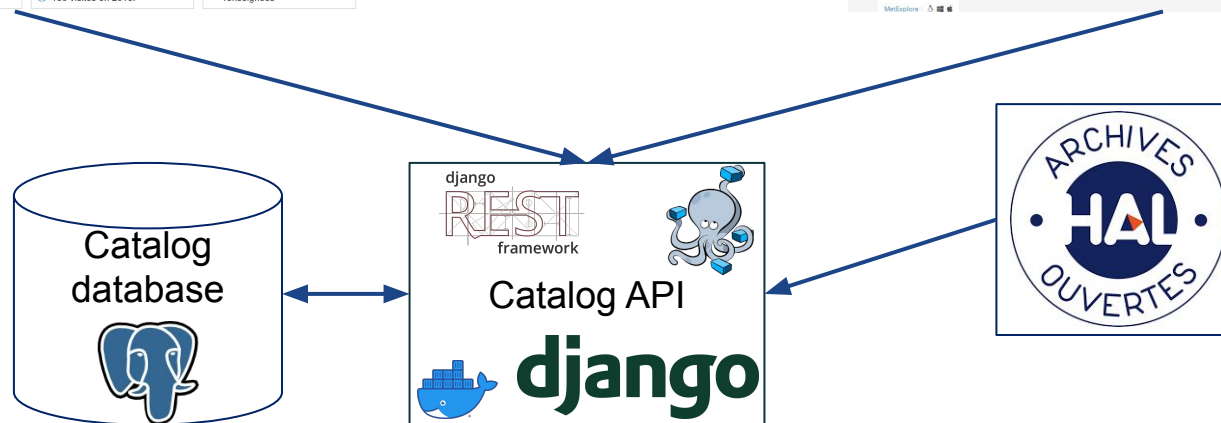
Sequence clustering | Metabolic pathway prediction | Genome annotation | Variant calling | Differential gene expression analysis | Genome comparison | Pathway visualization

Genome visualization | Clustering | Database search | General database search (by property) | Sequence similarity search | Clustering search | Visualization | Analysis

Pathway analysis | RNA-seq analysis | Sequence alignment analysis | Gene functional annotation | Gene prediction | Sequence alignment | Data retrieval | Network visualization

Expression analysis | Metabolic network modeling | Genetic variation analysis

Web application | Bioinformatics portal | Workbench | [elixir-fr-sdp-2019](#) | [fr](#)



AG IFB, 26/11/2020, chacun chez soi mais l'IFB pour tous

Django REST framework

Api Root Bioinformatics Team List Bioinformatics Team Instance

Bioinformatics Team Instance

OPTIONS GET

Handles creating, reading and updating bioinformatics teams.

GET /api/bioinformaticsteam/MIGALE/

HTTP 200 OK

Allow: GET, PUT, PATCH, DELETE, HEAD, OPTIONS

Content-Type: application/json

Vary: Accept

```
{
  "id": 11,
  "user_profile": null,
  "name": "MIGALE",
  "description": "",
  "homepage": "",
  "expertise": [],
  "leader": null,
  "deputies": [],
  "scientificLeaders": [
    "https://catalogue.france-bioinformatique.fr/api/userprofile/470/"
  ],
  "technicalLeaders": [
    "https://catalogue.france-bioinformatique.fr/api/userprofile/327/"
  ],
  "members": [
    "https://catalogue.france-bioinformatique.fr/api/userprofile/105/",
    "https://catalogue.france-bioinformatique.fr/api/userprofile/150/",
    "https://catalogue.france-bioinformatique.fr/api/userprofile/327/",
    "https://catalogue.france-bioinformatique.fr/api/userprofile/262/",
    "https://catalogue.france-bioinformatique.fr/api/userprofile/396/",
    "https://catalogue.france-bioinformatique.fr/api/userprofile/343/",
    "https://catalogue.france-bioinformatique.fr/api/userprofile/349/",
    "https://catalogue.france-bioinformatique.fr/api/userprofile/470/",
    "https://catalogue.france-bioinformatique.fr/api/userprofile/529/"
  ],
  "maintainers": [],
  "orgid": null,
  "unitid": "",
  "address": "Domaine de Vilvert\r\nUnité MaIAGE\r\n78350 Jouy-en-Josas\r\nFrance",
  "logo_url": null,
  "fields": [],
  "topics": [],
  "keywords": [],
  "ifbMembership": "",
  "affiliatedWith": [
    "https://catalogue.france-bioinformatique.fr/api/organisation/MaIAGE/",
    "https://catalogue.france-bioinformatique.fr/api/organisation/UR3201404/"
  ],
  "platforms": [],
  "communities": [],
  "projects": [],
  "fundedBy": [],
  "publications": [],
  "certification": ""
}
```

Toutes les données sont accessibles sur:

<https://catalogue.france-bioinformatique.fr/api/>

Ressources accessibles par biotoolsID ou numéro:

<https://catalogue.france-bioinformatique.fr/api/tool/aria/>

<https://catalogue.france-bioinformatique.fr/api/tool/221>

Your Project

1.0.0 OAS3

/openapi

API for all things ...

default

- GET /api/tool/{id}/
- GET /api/tool/{biotoolsID}/
- GET /api/bioinformaticteam/
- GET /api/bioinformaticteam/{name}/
- GET /api/certification/
- GET /api/certification/{id}/
- GET /api/community/
- GET /api/community/{name}/
- GET /api/computingfacility/
- GET /api/computingfacility/{name}/
- GET /api/elixirplatform/
- GET /api/elixirplatform/{name}/

<https://catalogue.france-bioinformatique.fr/swagger-ui/>

The screenshot shows the Swagger UI interface for the endpoint `GET /api/bioinformaticteam/{name}/`. The description is "Handles creating, reading and updating bioinformatics teams." The parameters section shows a required `name` parameter (string, path) with the value "ABIMS" and a `search` parameter (string, query) with the value "search - A search term." The response section shows a 200 status code and a JSON response body:

```
{
  "id": 5,
  "user_profile": null,
  "name": "ABIMS",
  "logo_url": null,
  "description": "ABIMS works with research team within the framework of scientific collaboration formalised as project.\nABIMS provide differents services :\n- scientific computing environment (Infrastructure As A Service - IaaS)\n- Advice and expertise in omic data analysis\n- Software engineering (information system, databases, ...)\n- User support and training\n",
  "expertise": [],
  "link_outside": "",
  "homepage": "",
  "mail": "",
  "address": "Place Georges Teissier - Station Biologique de Roscoff\n29680 Roscoff\nFrance",
  "city": "Roscoff",
  "country": "France",
  "communities": [],
  "projects": [],
  "affiliatedWith": [
    "https://catalogue.france-bioinformatique.fr/api/organisation/FR2421/"
  ],
  "publications": [],
  "certifications": [
    {
      "label": "IBISA",
      "TSO": "IBISA"
    }
  ],
  "funderBy": []
}
```

A1.4 – Data curation

Django REST framework

Api Root Bioinformatics Team List Bioinformatics Team Instance

Bioinformatics Team Instance

Handles creating, reading and updating bioinformatics teams.

GET /api/bioinformaticsteam/MIGALE/

HTTP 200 OK
Allow: GET, PUT, PATCH, DELETE, HEAD, OPTIONS
Content-Type: application/json
Vary: Accept

```
{
  "id": 11,
  "user_profile": null,
  "name": "MIGALE",
  "description": "",
  "homepage": "",
  "expertise": [],
  "leader": null,
  "deputies": [],
  "scientificLeaders": [
    {
      "https://catalogue.fra
    }
  ],
  "technicalLeaders": [
    {
      "https://catalogue.fra
    }
  ],
  "members": [
    {
      "https://catalogue.fra
    },
    {
      "https://catalogue.fra
    },
    {
      "https://catalogue.fra
    },
    {
      "https://catalogue.fra
    },
    {
      "https://catalogue.fra
    },
    {
      "https://catalogue.fra
    }
  ],
  "maintainers": [],
  "orgid": null,
  "unitid": "",
  "address": "Domaine de V11",
  "logo_url": null,
  "fields": [],
  "topics": [],
  "keywords": [],
  "ifbMembership": "",
  "affiliatedWith": [
    {
      "https://catalogue.fra
    },
    {
      "https://catalogue.fra
    }
  ]
}
```

Django administration

Home · IfbcAt_Api · Teams · MIGALE

View team

Logo url:	-
	URL of logo of the team.
Fields:	Biologie, Agro-alimentaire, Environnement
	A broad field that the team serves.
Keywords:	Assemblage de génomes et transcriptomes, Données, Métagénomique, métatranscriptomique, transfert de données, Cluster, Alignements de lectures sur des génomes, Protéomique, Algorithme données de séquençage NGS, Analyse de séquences, Ecologie microbienne, Analyse de second d'homologie/orthologie, Analyse de variants, Annotation structurale et fonctionnelle des gènes complets, Analyse de génomes, Développement de workflows, Alignement (multiple) de séquences et systèmes d'informations
	A keyword (beyond EDAM ontology scope) describing the team.
User profile:	-
Name:	MIGALE
	Name of the team.
Description:	

La plateforme MIGALE a une interaction privilégiée avec l'équipe StatInfoMics de l'unité MaIA. Les compétences de cette équipe sont les statistiques appliquées à l'analyse des données « omiques ».

Toutes les données sont modifiables via l'api:
<https://catalogue.france-bioinformatique.fr/api/>

...mais aussi via l'interface d'administration de django:
<https://catalogue.france-bioinformatique.fr/admin/>

La gestion des droits et permissions repose sur le même système : après authentification, ce que vous pouvez faire via l'api vous pouvez le faire dans l'interface d'admin, et vice versa.

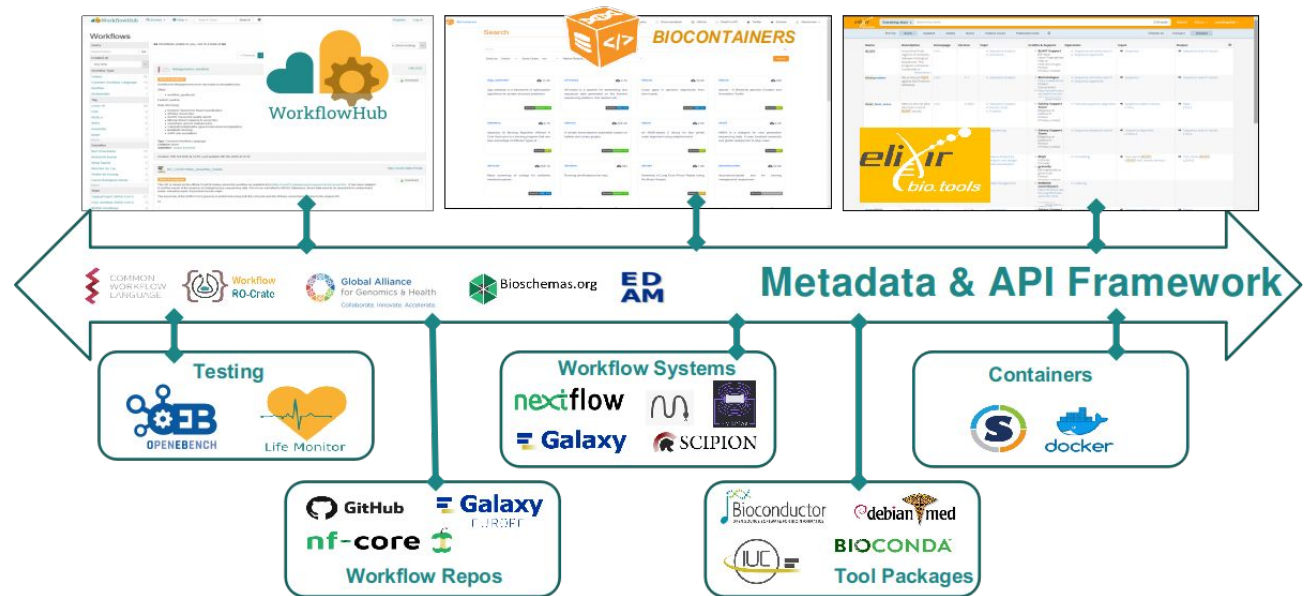
A1.4 – Développements futurs

Développements techniques:

- Tools Platform Ecosystem
- Format de données “FAIR” accessible depuis l’API Rest (JSON-LD)

Mise à disposition de portails spécifiques basés sur le framework fourni par le catalogue:

- COVID-19
- Antibiorésistance
- ... et vous ? ;)



Merci

- Bryan Brancotte
- Guillaume Charbonnier
- Alban Gaignard
- Nicolas Geysse
- Thomas Rosnet
- Hervé Ménager
- Jacques van Helden

- Jon Ison
- Laurent Bouri
- Ivan Moszer
- Sylvain Milanese

Contactez-nous!

Sur Github (issues):

<https://github.com/IFB-ElixirFr/ifbcat>

Par email (très bientôt disponible):

contact-catalogue@groupes.france-bioinformatique.fr

Sur le serveur communautaire de l'IFB:

<https://community.france-bioinformatique.fr/>