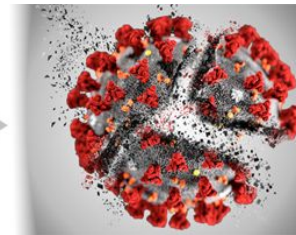
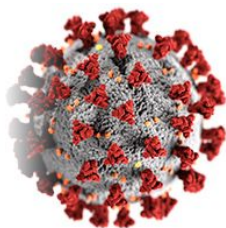


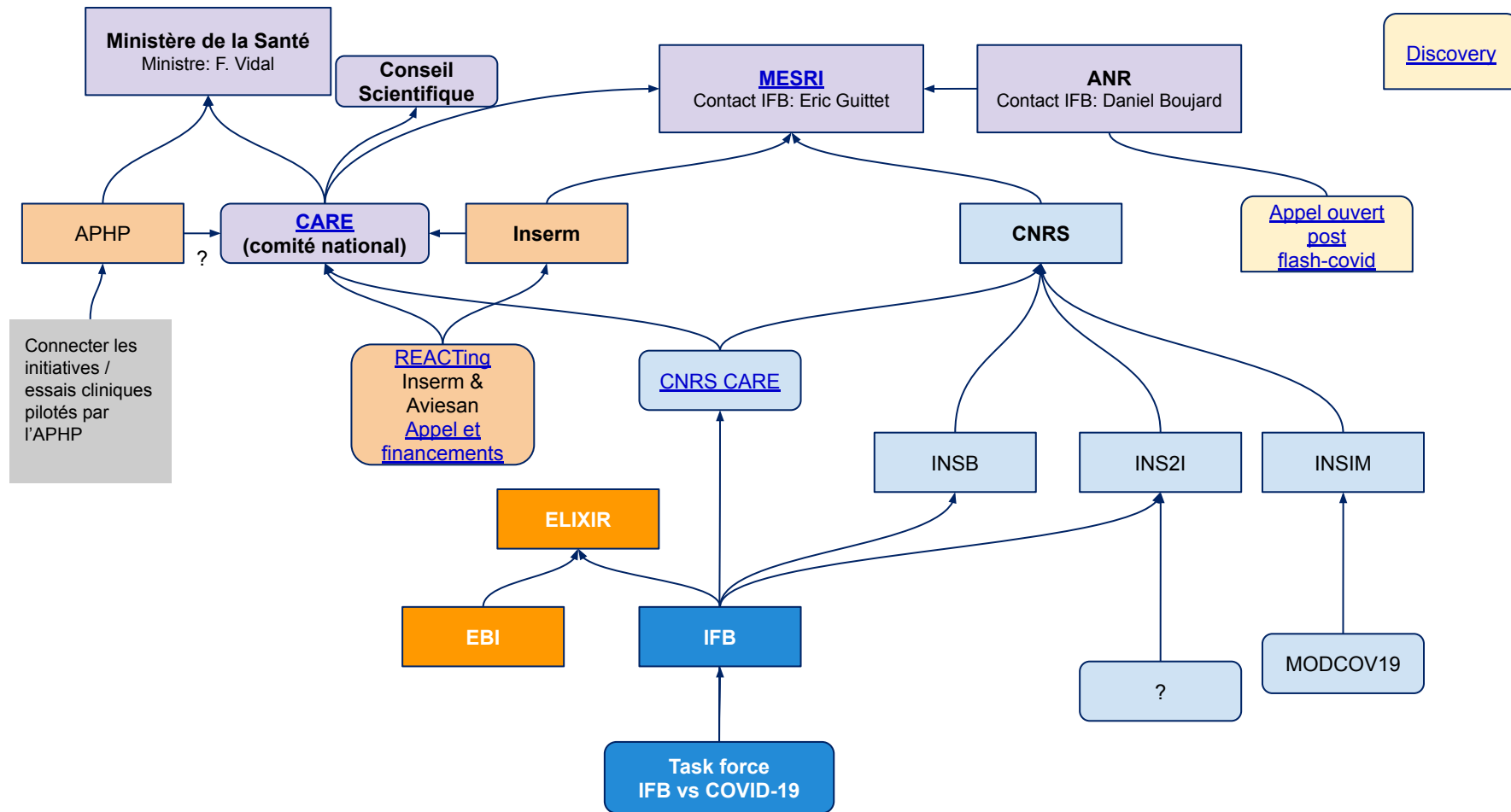
# Action IFB vs COVID-19

COVID-19



*Task force IFB vs COVID19*

## Où s'adresser ? Organes de coordination



# *Synthèse des demandes traitées*

# Modèle de fiche pour décrire une action en cours ou accomplie

- **Sollicitation** : ... ba bla
- **Objectif** :
- **Contexte** :
- **Plateforme IFB** - IFB-core
- **Aide apportée** :
- **Liens vers les résultats** :

Icone pour  
cette action

**Nom de l'action.**

Description en 2-3 lignes de l'action

**Lien** vers une page illustrative (résultats, github, publication, ...)

**Contact task force IFB**: votre nom

Ajoutez ici un élément graphique qui pourrait servir de figure pour une page web présentant cette action

# Synthèse des actions en cours (pour un tableau de “cartes” sur le site)

Icone pour  
cette action

**Nom de l'action.**

Description en 2-3 lignes de l'action

**Lien** vers une page illustrative (résultats, github, publication, ...)

**Contact task force IFB:** votre nom

Icone pour  
cette action

**Nom de l'action.**

Description en 2-3 lignes de l'action

**Lien** vers une page illustrative (résultats, github, publication, ...)

**Contact task force IFB:** votre nom

Icone pour  
cette action

**Nom de l'action.**

Description en 2-3 lignes de l'action

**Lien** vers une page illustrative (résultats, github, publication, ...)

**Contact task force IFB:** votre nom

Icone pour  
cette action

**Nom de l'action.**

Description en 2-3 lignes de l'action

**Lien** vers une page illustrative (résultats, github, publication, ...)

**Contact task force IFB:** votre nom

Icone pour  
cette action

**Nom de l'action.**

Description en 2-3 lignes de l'action

**Lien** vers une page illustrative (résultats, github, publication, ...)

**Contact task force IFB:** votre nom

Icone pour  
cette action

**Nom de l'action.**

Description en 2-3 lignes de l'action

**Lien** vers une page illustrative (résultats, github, publication, ...)

**Contact task force IFB:** votre nom

Icone pour  
cette action

**Nom de l'action.**

Description en 2-3 lignes de l'action

**Lien** vers une page illustrative (résultats, github, publication, ...)

**Contact task force IFB:** votre nom

Icone pour  
cette action

**Nom de l'action.**

Description en 2-3 lignes de l'action

**Lien** vers une page illustrative (résultats, github, publication, ...)

**Contact task force IFB:** votre nom

Icone pour  
cette action

**Nom de l'action.**

Description en 2-3 lignes de l'action

**Lien** vers une page illustrative (résultats, github, publication, ...)

**Contact task force IFB:** votre nom

Icone pour  
cette action

**Nom de l'action.**

Description en 2-3 lignes de l'action

**Lien** vers une page illustrative (résultats, github, publication, ...)

**Contact task force IFB:** votre nom

- **Sollicitation** : ... ba bla
- **Objectif** :
- **Contexte** :
- **Plateforme IFB** - IFB-core
- **Aide apportée** :
- **Liens vers les résultats** :

Icone pour  
cette action

**Nom de l'action.** Description en 2-3 lignes de l'action pour un tableau listant les actions

Ajoutez ici un élément graphique qui pourrait servir de figure pour une page web présentant cette action

- **Sollicitation** : Baptiste Martin, virologue à Lyon
- **Objectif** : criblage virtuel par docking de librairies moléculaires.
- **Verrou** : utilisation d'un programme java sur ordi portable insuffisant pour réaliser le criblage
- **Type d'appui** : calcul et déploiement logiciel
- **Ressources IFB**: IFB-core-cluster
- **Prise en charge** : task force IFB + Pierre
- **Aide apportée** :
  - ❑ Entretien téléphonique pour caractériser les besoins
  - ❑ Ouverture d'un [ticket sur le site communautaire](#)
  - ❑ Installation de logiciels de docking sur le cluster IFB-core
  - ❑ Préparation d'un protocole pour pouvoir lancer l'application java en parallélisant les analyses
  - ❑ Extraction et formatage des données de la librairie pour pouvoir automatiser le criblage.
- **Résultat**
  - ❑ Calculs en cours

## Demande d'accompagnement sur un projet de docking

IFB Core Cluster | Support IFB Core Cluster covid-19



bmartin

1  20j

1 avr.

Bonjour,

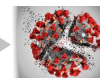
Je souhaite réaliser un criblage virtuel de 2 librairies de molécules de 6548 et 1862 composés, respectivement. Il s'agit de deux banques de mimétiques de substrat de deux enzymes virales retrouvées chez le SARS-CoV-2. Pour réaliser une étude robuste, je souhaite faire le docking de ces deux banques sur les protéines cibles des virus SARS-CoV-1 et 2, mais aussi différentes enzymes homologues chez d'autres virus et dans la cellule (16 cibles au total). Je voudrais utiliser deux algorithmes de docking pour réaliser l'étude et assurer les résultats. Pour cela, j'utilise les outils suivants : DockingApp et DockingApp RF. Au total, il s'agit donc de faire 16 fois le crible sur la librairie de 6548 composés et 16 fois le crible sur la banque de 1862 composés, le tout deux fois pour assurer les résultats. J'aurais donc besoin d'assistance et de puissance de calcul pour générer les fichiers de résultats de docking.

Merci d'avance pour toute l'aide que vous pourrez m'apporter.

Baptiste MARTIN

il y a 14j

1 / 50  
2 avr.









# Base de données de collecte de données d'imagerie patients COVID-19

- **Sollicitation** : Pôle de radiologie et d'imagerie médicale du Grand Hôpital de l'Est Francilien (GHEF) - Dr Pascal Bérout.
- **Objectif** : Mise en place d'une base de données permettant de collecter et de préremplir les comptes rendus des résultats d'examens d'imagerie médicale de patients potentiellement COVID-19.
- **Contexte** : Fin Mars, début avril 2020, le pôle affrontait plus de 80 Tomodensitométries thoraciques de patients COVID-19 positifs par jour.
- La société Française de Radiologie a publié un modèle de compte rendu (CR) générique pour collecter les cas suspects COVID-19.
- **Plateforme IFB** - MMG-GBIT
- **Aide apportée** :
  - ❑ MMG-GBIT a mis en place une **base de données** permettant la centralisation des résultats d'analyse de plusieurs centres.
  - ❑ Mise en place d'un **système de gestion de cas** (COVID+ et COVID-) par centre, une interface simplifiée de collecte de données d'imagerie et de **gestion de CR**.
  - ❑ La ressource créée (**COVIDScan**) est maintenant déployée et est en cours de validation par les pôles de radiologie GHEF, CHU de Nîmes, CHU de Poitiers.

COVIDScan

## Examens

Date de l'Exa

Ajouter Exa

### Tests PCR

Date du test

Ajouter PCR

### Ajout d'un nouvel examen

Date du scanner

Choisissez une date

Scanner pneumopathie de type COVID-19

Sélectionner une option

Verre dépoli

Type :

☐ Oui ☒ Non

☐ En place ☐ Nodulaire ☒ Absence

Crazy paving

☐ Oui ☒ Non

Condensation

Type :

☐ En bande ☐ Nodulaire ☒ Absence

Topographie lésionnelle globale

☒ Aucune ☐ Sous-Pleural ☐ Mixte ☐ Péri-bronchovasculaire

☒ Unilatérale ☐ Bilatérale

Prédominance inférieure ?

☐ Oui ☒ Non

Etendue des anomalies: Degré d'atteinte

Nulle (0%)

Anomalies pulmonaires en faveur d'une autre infection :

Micronodules centrolobulaires : ☐ Oui ☒ Non

Condensation systématisée : ☐ Oui ☒ Non

Sécrétions endobronchiques : ☐ Oui ☒ Non

Autre : ☐ Oui ☒ Non

Présence de diagnostic alternatif ☐ Oui ☒ Non

Sauvegarder et Générer Compte Rendu Sauvegarder Cancel

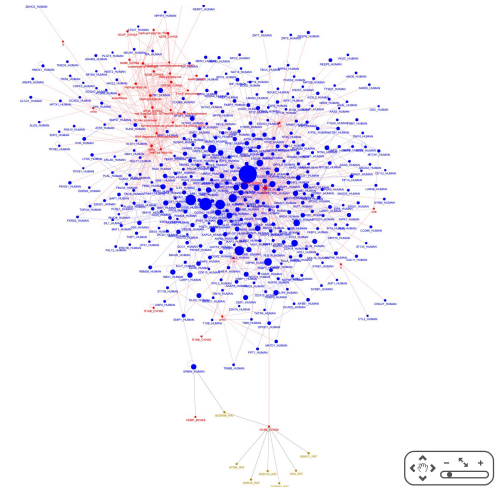
Exemple de formulaire de collecte de données pour données d'imagerie patient COVID-19

# *Appels à projets*



*Ressources mises à disposition*

- VirHosNet SARS-CoV-2 release: real-time, reproducible and fair share systems biology research against Covid-19 (PRABI-AMSB, Université de Lyon)
  - ❑ Member of The European Virus Bioinformatics Center
    - <http://evbc.uni-jena.de/tools/coronavirus-tools/>
  - ❑ ~40k virus/host protein-protein interaction open and fairshare Covid-19 ressource
    - <https://fairsharing.org/FAIRsharing.m3316t>
  - ❑ Biocuration of Coronaviridae / host interactome in PSI-MI TAB 2.5 format
  - ❑ Interology prediction of SARS-CoV-2 / human protein-protein interaction
  - ❑ Application to drug repositioning research against Covid-19
    - <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2020.04.09.033522v1>



- PRACE
  - ....
- Jean Zay
  - ...

*Initiatives internationales  
de communautés de bioinformaticiens*



## COVID-19 Data Deposition

- ENA is part of them. It has specific instructions about SARS-CoV-2 data submissions:
  - [https://ena-browser-docs.readthedocs.io/en/latest/help\\_and\\_guides/sars-cov-2-submissions.html](https://ena-browser-docs.readthedocs.io/en/latest/help_and_guides/sars-cov-2-submissions.html)
- GISAID
  - People who already uploaded consensus sequence data to [GISAID](#) are encouraged to also upload their data to the ENA. EMBL-EBI is looking at ways to assist in this process.
- EMBL-EBI Pathogen Portal
  - <https://www.ebi.ac.uk/ena/pathogens/covid-19>
- Data hubs
  - ELIXIR is working with EBI to implement the [Data Hubs](#) concept for sharing and depositing data.
  - The federated European Genome-phenome Archive will be at the heart of ensuring the roll out of this activity

- **ViralZone** (pre-release access to **SARS-CoV-2 proteome** data as well as cross-links to complementary resources) : <https://viralzone.expasy.org/>
- **Cellosaurus** (frequently updated information on the **cell lines useful for the study of SARS-CoV-2**) : <https://web.expasy.org/cellosaurus/sars-cov-2.html>
- **UniProtKB/Swiss-Prot special early release** (SARS-CoV-2 **protein sequences** and how they function) : <https://www.uniprot.org/news/2020/02/26/release>
- Guide to **Pharmacology** (curated information on **SARS-CoV-2 targets and some of the pharmacological strategies** being investigated to mitigate against COVID-19) : <https://www.guidetopharmacology.org/coronavirus.jsp>
- Pre-release blog with **new ligands** : <https://blog.guidetopharmacology.org/2020/03/13/gtopdb-pre-release-ligands/>

Analysis Tools, Workflows management and Compute Services are available thanks to the contribution of several nodes:

- Best practices in workflows for analysing chemoinformatics and genomic SARS-CoV2 data on **GALAXY** (<https://github.com/galaxyproject/SARS-CoV-2>)
- **COVID-19 Beacon's**: allow the scientific and medical communities to share and discover knowledge about the genetics of the virus (<https://covid-19.dnastack.com>)
- The **FAIRSharing COVID-19 collection**: standards and databases including clinical trials, virology studies, public health and patient registries (<https://fairsharing.org/collection/COVID19Resources>)
- **COVID-19 Workflows Hub**: fast tracked instance of the EOSC Life Workflow Hub, result of the COVID-19 Biohackathon, cooperation between several ELIXIR nodes lead by the UK and including NL, BE, FR, DE and ES
- **Bio.tools**: ELIXIR tools registry that release several software and analysis tools for COVID-19-specific data.

## ■ Events: Biohackathons

- <https://github.com/virtual-biohackathons/covid-19-bh20>
- Support and participation of the COVID-19 Biohackathon (April 5-11 2020) .
  - More than 300 bioinformaticians and computer experts from around the world participated.
  - Around 40 hacking topics : Workflow Hub, Clinical and Translational Medicine, Machine Learning, FairData, HomeLearning ...
  - ELIXIR members led and co-led some of these

## ■ National activities led by Nodes

- Many ELIXIR Nodes are mobilising national efforts and making their resources available for researchers working on COVID-19.
- Amongst others: Compute facilities during the recent [virtual BioHackathon](#).

## ■ Some ELIXIR Nodes created **COVID-19 task forces**. Examples:

- [ELIXIR France](#),
- [ELIXIR Spain](#),
- [ELIXIR Netherlands](#),
- [ELIXIR Switzerland](#),
- etc.