

Introduction à DMP OPIDoR

Frédéric de Lamotte <https://orcid.org/0000-0003-4234-1172>

Paulette Lieby <https://orcid.org/0000-0002-9289-9652>

- Décrire les données





IFB_training

WGS

RNAseq

Variant_calling

Quels méthodes et outils sont utilisés pour acquérir et traiter les données ? Précisez les différents formats dans lesquels les données seront disponibles aux différentes phases de la recherche

B *I*    

- Format : fastq, outil : séquenceur Illumina HiSeq 3500
- Format : fasta, outil : assembleur SOAP de novo
- Format : gff3, outil : Eugene

Enregistrer

Répondu 1 month ago par helene.chiapello@inrae.fr





Commentaires (1)

Vérifier avec Gautier si le mode opératoire de l'Illumina est stabilisé

frederic.de-lamotte@inrae.fr 1 hour ago

Modifier Supprimer

Ajouter un commentaire à partager avec les collaborateurs

B *I*    

- Clarifier le cadre juridique et éthique

IFB_trainingWGSRNAseqVariant_calling

☒ Les réponses de cette section sont communes à tous les produits de recherche

Qui détiendra les droits sur les données et les autres informations créées lors du projet ?

Faire attention quand un partenaire privé amène des données dans le projet.

B I [formatting icons]

par défaut INRAE sinon voir convention

Enregistrer

Répondre 1 month ago par helene.chiapello@inrae.fr

Commentaires (1)

- j'ai un souci : depuis la loi LRN les données sont ouvertes par défaut, sauf exceptions (données personnelles, sensibles, code, autres...). Est-il encore opportun de parler de "propriété intellectuelle" dans ce cas
- je me réfère là à un commentaire de Lionel Maurel "La question de la propriété des données n'est pas forcément le bon angle d'attaque depuis LPRN (et principe d'ouverture par défaut). Aujourd'hui savoir qui est le propriétaire des données n'est plus souvent. Il s'agit de savoir si on est dans le principe de l'ouverture par défaut ou bien dans un cas d'exceptions." -- compte rendu atelier <https://mate-shs.cnrs.fr/actions/tutomate/tuto25-propriete-donnees-lionel-maurel/>
- en fait, je crois qu'ici cela demandera à terme une re-

- Définir les responsabilités

Gérer les collaborateurs

Inviter des personnes à lire, modifier ou administrer votre plan. Les invités recevront une notification par courriel indiquant qu'ils ont accès à ce plan.

| Adresse courriel | Permissions | |
|---|----------------|-----------|
| thomas.denecker@france-bioinformatique.fr | Éditeur | Supprimer |
| seilerj@igbmc.fr | Éditeur | Supprimer |
| paulette.lieby@france-bioinformatique.fr | Éditeur | Supprimer |
| gautier.sarah@inrae.fr | Copropriétaire | Supprimer |
| frederic.de-lamotte@inrae.fr | Copropriétaire | |
| helene.chiapello@inrae.fr | Propriétaire | |

Inviter des collaborateurs

* Courriel

* Permissions

- ☐ Co-propiétaire: peut modifier les détails du projet, changer la visibilité et ajouter des collaborateurs.
- ☐ Editeur: peut commenter et effectuer des changements
- ☐ Lecture seule: peut voir et commenter, mais ne peut pas faire de modifications

- Garantir la compréhension des données

Brève présentation des données générées, collectées ou réutilisées :

- Mode d'obtention, origine, type, nature et périmètre thématique des données
- Publications associées

| | | | | | |
|--|----------|--|--|--|--|
| B | <i>I</i> | | | | |
| Mode d'obtention : sortie d'un workflow de variant calling | | | | | |
| Origine : vitis vinifera (la vigne) | | | | | |
| Type : variants au format VCF | | | | | |

Enregistrer

INRAE Exemple de réponse +

Répondu 1 month ago par helene.chiapello@inrae.fr

Commentaires

Ajouter un commentaire à partager
avec les collaborateurs

| | | | | | |
|---|----------|--|--|--|--|
| B | <i>I</i> | | | | |
| Merci de <u>rajouter</u> un lien vers le workflow | | | | | |

Enregistrer

- Assurer un stockage adapté

IFB_training

WGS

RNAseq

Variant_calling

☒ Les réponses de cette section sont communes à tous les produits de recherche

Stockage : Quels seront les supports utilisés pour les données au cours du projet ?

B

I

Préciser l'infrastructure et la plateforme bioinformatique utilisée (IFB, Southgreen, migale,...)

Enregistrer

INRAE Exemple de réponse +

Répondu 1 month ago par helene.chiapello@inrae.fr

Commentaires

Ajouter un commentaire à partager avec les collaborateurs

B

I





Jeff doit réserver 2 To avant le début du projet !

Enregistrer

- Spécifier les modalités de partage





Sur quelle plateforme d'archivage pérenne seront archivées les données à conserver sur le long terme ? Sinon, quelles procédures seront mises en place pour la conservation à long terme ?

Il s'agit ici de plateformes d'archivage pérennes destinées à pérenniser les données, comme le C.I.N.E.S. Les entrepôts de données ne possèdent, à quelques exceptions près, pas cette possibilité.

| | | | | | |
|---|----------|---|---|---|---|
| B | I |  |  |  |  |
| <p>En biologie ce sont jusqu'à maintenant les banques internationales (ENA, ArrayExpress,...) qui assurent l'archivage pérenne des données</p> <p>Pour les données de phénotypes : quels sont les usages ? Plutôt accès via des bases de données dédiées ? Pérennité des données peut être variable</p> | | | | | |

Commentaires

Ajouter un commentaire à partager avec les collaborateurs

| | | | | | |
|-------------|----------|---|---|---|---|
| B | I |  |  |  |  |
| <div></div> | | | | | |

Enregistrer