

# L'Animation Scientifique



> JEUDI 28 OCTOBRE 2021, 13h45 \ 14h30

## MBB Workflows : environnement de conception de pipelines bioinformatiques

MBB Workflows est un outil pour faciliter la conception et le déploiement de pipelines bioinformatiques. Pour ce faire, l'outil dispose d'une interface web graphique qui permet de créer, importer et exporter des workflows écrits en Snakemake et encapsulés dans des conteneurs Docker. L'application présente une grande collection d'outils bioinformatiques déjà pris en charge, l'utilisation de Docker permet aux utilisateurs de s'affranchir de la gestion des aspects systèmes (installation des logiciels, gestion de dépendances, gestion de versions, etc...). Enfin, MBB Workflows est toujours en cours d'évolution : il sera possible d'ajouter des outils bioinformatiques à la collection déjà présente, sur demande des utilisateurs.

par **Arthur Ben Said** Ingénieur d'études, ISEM, CEMEB, Montpellier

**Séminaire accessible sur ZOOM :**  
<https://umontpellier-fr.zoom.us/j/94437658185>  
ID de réunion : 944 3765 8185

UMR MARBEC (IRD, Ifremer, Université de Montpellier, CNRS, INRAE) © 04 67 14 36 72 - 04 67 13 04 24 \ [www.umar-marbec.fr](http://www.umar-marbec.fr)

+ programme & archives

Programme des Jeudis et archives  
des présentations disponibles sur :  
[www.umar-marbec.fr](http://www.umar-marbec.fr)

@ contacts

myriam.callier@ifremer.fr  
sylvie.lapegue@ifremer.fr  
laura.megevand@umontpellier.fr  
celine.reisser@ifremer.fr

> prochainement

**Jeudi 04 novembre 2021 : Giulia Cheloni**  
Post-doc CNRS, UMR MARBEC Sète  
"Mechanistic approaches to investigate contaminant  
toxicity and cellular stress responses in phytoplankton"