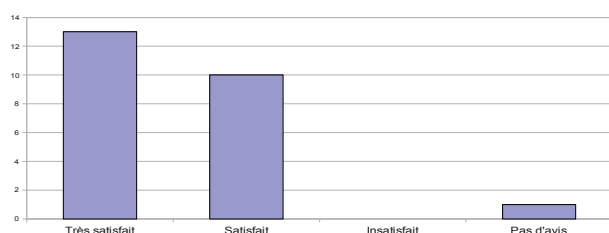


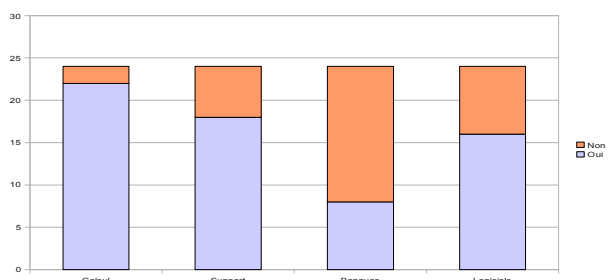
Cette lettre d'information est destinée aux membres des équipes de recherche utilisant la plate-forme bio-informatique GenoToul. Elle a pour but de vous informer sur les évolutions de l'équipe, les nouveaux outils, services, projets et formations mis en place.

1/ Résultats de l'enquête de satisfaction :

24 utilisateurs de la plate-forme ont répondu à l'enquête de satisfaction mise en ligne entre fin décembre 2009 et le 31 janvier 2010. Cette enquête, composante de la démarche qualité, a pour but de mesurer la satisfaction des utilisateurs de manière globale mais aussi sur des ressources majeures mises à disposition par la plate-forme telles que les moyens de calcul, les banques de données, les logiciels et le support dans un but d'amélioration.

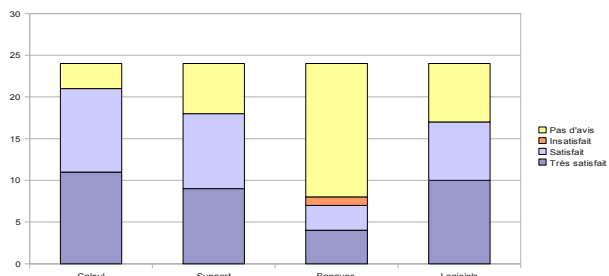


Globalement les utilisateurs ayant répondu à l'enquête sont satisfaits des ressources et services mis à disposition par la plate-forme.



L'utilisation des ressources est variable. L'élément le plus utilisé est le cluster de calcul. Viennent ensuite le support et les logiciels.

Les banques que la plate-forme maintient à jour sont peu utilisées. Une nouvelle interface d'interrogation textuelle des banques est en cours de mise en place.



Les utilisateurs sont satisfaits voire très satisfaits des ressources mises à disposition. Seules les banques récoltent un 'insatisfait'.

Cette enquête sera reconduite l'année prochaine en y ajoutant deux rubriques sur l'hébergement de sites Internet et de machines virtuelles.

2/ Mise à jour de la FAQ :

La foire au question (FAQ) du site web (<http://bioinfo.genotoul.fr/main/index.php?id=8>) a été mise à jour pour améliorer la lisibilité des informations concernant en particulier l'utilisation du cluster. Vous apprendrez en la lisant :

1. Quel est l'outil d'ordonnancement que nous utilisons ?
2. Quelles sont les commandes de soumission sur le cluster de calcul ?
3. Quels sont les espaces disques utilisables depuis le cluster de calcul ?
4. Comment soumettre un job (simple) sur le cluster de calcul ?
5. Comment suivre l'état d'avancement de mon job (en cours) ?
6. Comment obtenir de l'information sur un job terminé ?
7. Comment tuer mon job ?
8. Quelles sont les limitations / contraintes sur le cluster ?
9. Comment utiliser plus de mémoire que 4Go / cœur ?

10. Comment réserver plusieurs cœurs de calcul (environnements parallèles) ?
11. Qu'est ce que la notion de files d'attente / de priorités ?
12. Quelles sont les files d'attente / priorités disponibles ?
13. Peut-on déplacer un job d'une queue de calcul ?
14. Comment optimiser la vitesse d'exécution d'un blast ?

3/ La plate-forme recrute un administrateur système:

La plateforme recherche un administrateur des systèmes / réseaux.

Période : avril 2010 à février 2011 (11 mois)

Niveau d'études minimum : BAC +2 (en informatique)

Salaire : Aux alentours de 1900€ brut selon diplôme et expérience

Mission : Le candidat retenu secondera l'administrateur titulaire dans l'exploitation des moyens informatiques, matériels et logiciels notamment :

- Un ensemble de serveurs (physiques et virtuels)
- Un cluster de calcul (au total 384 cœurs)
- Plusieurs baies de stockage (SAN, NFS, GPFS)
- Un ensemble de logiciels de bio-informatique
- Mise à jour des banques de données génomiques

Activités principales : Assurer au quotidien la gestion des ressources informatiques : création de compte, gestion des quotas, installation de logiciels, paramétrage des différents outils, suivi d'exploitation.

Les candidatures sont à adresser avant le 26 février 2010 à anim.bioinfo@toulouse.inra.fr .

4/ Évolutions en cours et prévues :

Les chantiers en cours sont :

- la migration progressive du serveur "tata" en machines virtuelles (arrêt fin février),
- la réinstallation des serveurs "polya" et "intron" respectivement en serveur de fichiers / bases de données,
- une réflexion sur les solutions de sauvegarde pour une nouvelle acquisition prévue en juin / juillet 2010,
- une réflexion sur l'acquisition d'un serveur GPU.

Les nouveautés que vous trouverez sur le site web <http://bioinfo.genotoul.fr/> :

- Schémas d'architecture des serveurs
- Schémas d'architecture du cluster de calcul
- FAQ mise à jour (cf article 2/)

Les nouveaux logiciels installés et les mises à jour de versions faites ces 3 dernier mois :

- readseq, carthagene, augustus, mothur, iprscan, pylucene, latex, samtool, euler, abyss
- arb : Étant donné les spécificités de ce logiciel, une machine virtuelle a été dédié à cet usage ; pour s'y connecter (depuis snp), utiliser la commande : ssh -X user@vm-arb

Vous trouverez la liste des logiciels et leur date de à jour à l'adresse suivante :

<http://bioinfo.genotoul.fr/main/index.php?id=73>.

5/ Plate-forme stratégique CNOC :

L'INRA a lancé en 2008 une campagne de labellisation des Outils Collectifs de l'INRA (<https://cnoc.toulouse.inra.fr>). A l'issue de la campagne 2009, la plateforme bio-informatique de Toulouse est devenue l'un des 18 outils collectifs labellisés « Plateformes Stratégiques » pour la période 2010-2012.

6/ Animation à venir du Réseau National de Bioinformatique (ReNaBi):

- 17 et 18 mars : Journées qualité organisées par la plate-forme de Bordeaux

7/ Formation unix et utilisation du cluster de calcul:

La session de formation, des 8 et 9 mars 2010, à l'utilisation l'infrastructure de la plate-forme et les outils de bio-informatique mis à disposition est complète. Une nouvelle session est programmée les 14 et 15 juin 2010 .

Pour toute demande d'information ou de travaux, veuillez envoyer un mail à support.genopole@toulouse.inra.fr en précisant vos nom et coordonnées.