

Lettre d'information

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, conditions d'utilisation, projets et cycles d'apprentissage mis en place.

Besoin de davantage de RAM ?

La plateforme BioinfoGenoToul vient de commander un nouveau serveur à grosse quantité de mémoire RAM (3TB). Ce serveur remplacera l'ancienne machine genosmp01 (qui était sur le cluster genotoul/SGE).

En attendant sa livraison et son intégration dans le cluster SLURM, nous avons (grâce à une contribution financière de Sigenae) doublé la mémoire RAM sur 6 noeuds du cluster. Il s'agit des nodes[141-146] dont deux qui ont été déplacés sur la smpq temporairement.

Vous retrouverez ces informations grâce à la commande "scontrol show node/partition" depuis les noeuds de login.

Réserver plusieurs coeurs

Il est important de bien réserver avec SLURM le nombre de coeurs correspondant au nombre de threads (tâches) qu'utilise le logiciel que vous voulez utiliser. Pour savoir combien de threads a besoin le logiciel, il est nécessaire de lire la documentation que vous trouverez systématiquement sur le site web correspondant.

Retrouvez la FAQ à ce sujet :

With default parameters, each job is limited to 1 cpu.

To book more, use the following options:

Book n cpus on the *same* node (up to 64)

-c ncpus (--cpus-per-task=ncpus)

Book n cpus on *any* nodes in case of MPI jobs

-N nnodes (--nodes=nnodes)

-n ntasks (--ntasks=ntasks)

--ntasks_per_node



Relatif au Covid-19

La plateforme vous informe que le site INRAE de Toulouse est maintenant en accès restreint et que les serveurs de Genotoul Bioinfo n'ont pas été classés parmi les équipements critiques.

Néanmoins, il est prévu que les serveurs continuent de fonctionner pendant la période de fermeture du centre INRAE mais il est possible que certains services soient réduits ou totalement fermés suite à des pannes matérielles qui ne pourront pas être réparées.

Pour limiter les problèmes causés par un mésusage du système, nous demandons aux utilisateurs de se conformer aux pratiques suivantes :

- **Aucun TRAITEMENT ne doit être lancé directement sur les serveurs frontaux** car nous ne pourrions pas être sûrs de re-démarrer ces serveurs si ils s'arrêtent (accès au datacenter impossible).

- Veillez à bien ajuster vos réservations de mémoire RAM sur le cluster : pour vérifier vos besoins, utilisez la commande `seff <jobid>` sur 1 job test en état COMPLETED.

- Veillez à bien ajuster le nombre de cpus/coeurs/threads demandés par votre programme avec ceux réservés avec Slurm (option `--cpus-per-task` de `srun` ou `sbatch`).

Afin de respecter les consignes de distanciation sociales, les consignes INRAE imposent que le personnel de la plateforme soit en télétravail et/ou en garde d'enfants. Nous ferons le maximum pour répondre aux différentes sollicitations dans la limite de nos disponibilités.

En vous remerciant pour votre compréhension.

Cycles d'apprentissage

Courant 2020

En partenariat avec Sigenae, NED (GenPhySE), SaAB (MIAT), nous vous proposons 7 cycles d'apprentissage pour lesquels il reste encore des places, 6 en ligne de commande et 1 sous Galaxy.

Nos cycles d'apprentissage sont organisés sur le site INRA de Toulouse Auzeville. Sur notre site, vous trouverez [les tarifs](#) et le [formulaire d'inscription](#).

Vous pourrez trouver d'autres cycles d'apprentissage en bioinformatique sur le [site de l'IFB](#) (Institut français de bioinformatique) et de la [SFBI](#) (Société française de bioinformatique).

	Date	Pré-requis	Places disponibles
Linux	12 octobre	Aucun	10 places
Cluster	13 octobre	Linux	10 places
Modify and extract information from large text file	14 octobre	Linux	10 places
Awk programming to process large raw or result text file	15 octobre	Linux	10 places
How to run a nf-core nextflow workflow on GenoToul Bioinfo ?	16 octobre	Linux Cluster	10 places
RNAseq alignment, quantification, and transcripts discovery with statistics	2-5 novembre	Linux	10 places
FROGS formation : tools for bioinformatics and statistics analyses with amplicon metagenomics data	15 – 18 juin	Aucun	7 places

Bilan questionnaire de satisfaction 2019

Près de 17 % des utilisateurs de la plateforme ont répondu à notre dernière enquête de satisfaction annuelle et nous vous en remercions chaleureusement. 40 % des répondants déclarent avoir publié en 2019 à l'aide des ressources de calcul et de stockage que nous mettons à disposition.

Via le questionnaire, certains utilisateurs indiquent qu'ils constatent des temps d'attente anormalement long sur le cluster. En effet, le cluster connaît, certains pics d'activités périodiques qui entraînent momentanément des files d'attente plus longues (en sbatch comme en srun). Le cluster est une ressource partagée et sa disponibilité dépend de son utilisation. Pour diminuer les files d'attente, il faut que chacun ajuste au mieux les réservations de CPU et de RAM aux besoins de ses jobs.

Si vous constatez des problèmes ou si vous avez des questions dont vous ne trouvez pas la réponse sur nos supports de cycles d'apprentissage ou notre FAQ, n'hésitez pas à contacter le support via le formulaire disponible sur notre site web :

<http://bioinfo.genotoul.fr/index.php/ask-for/support/>

Pour les demandes concernant Galaxy : l'adresse mail correspondante est support.sigenae@inrae.fr. Plus spécifiquement au sujet de Galaxy : 28 % des répondants à l'enquête déclarent utiliser Galaxy (ce qui correspond à 37 personnes) et en sont satisfaits. La majorité des utilisateurs Galaxy de l'instance BioInfo GenoToul/Sigenae utilisent le pipeline FROGS (permettant l'analyse de données de metabarcoding) ainsi que des workflows prêts à l'emploi. Les autres outils Galaxy utilisés servent à manipuler des séquences et des fichiers, rechercher des variants SNPs et analyser des données RNAseq.

Vous êtes nombreux à nous remercier dans vos publications, cela nous est utile pour prouver notre utilité à la communauté lors de nos demandes de financement. Merci beaucoup à vous.