

Lettre d'information

Cette lettre d'information est destinée aux membres des équipes de recherche utilisant la plateforme 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 formations mis en place.



Arrêt de production

Du dimanche 21 novembre 14h au mercredi 24 novembre un arrêt de production est prévu sur les serveurs de login et l'ensemble du cluster de calcul pour des mises à jour du système et des migrations de données.

Il s'agit d'une opération d'upgrade système et de migration de données de l'espace disque « work » qui nécessite une coupure de service totale du cluster de calcul et des serveurs associés (nœuds de login, d'administration, de stockage, de visualisation et de certaines machines virtuelles). Afin de gagner du temps sur la migration des données de l'espace "work", nous vous demandons de bien vouloir faire du ménage sur votre espace personnel (par exemple les fichiers de log).



Nouvelles banques

Lors de l'arrêt de novembre, la bascule vers une nouvelle infrastructure des banques de données génomiques sera effectuée.

Pour accéder à la liste des nouvelles banques et leurs informations, vous pouvez dès à présent consulter le nouveau site web : <https://bank.bioinfo.genotoul.fr> et utiliser le script `bank_info.sh`.

Nouvelle instance Galaxy

Information sur les modalités de migration

Fin Octobre un nouveau serveur Galaxy 21.05 sera ouvert aux utilisateurs, l'ancien devenant obsolète.

L'URL « <https://vm-galaxy-prod.toulouse.inra.fr/> » ne pointera plus sur le serveur Galaxy 16.01 actuel, mais sur une page d'accueil.

Vous y trouverez des renseignements utiles ainsi que des liens pour accéder à l'ancienne infrastructure et à la nouvelle (sur la gauche).

La nouvelle infrastructure reposera sur le cluster sous Slurm avec votre quota CPU de soumission.

Vous disposerez d'un **nouvel espace** de stockage propre à Galaxy (250Gb par utilisateur).

Nous pouvons vous accompagner pour transférer vos données, historiques et workflows de l'ancienne infrastructure vers la nouvelle.

Ce peut-être néanmoins le bon moment pour faire du ménage et trier ce qui est à jeter, archiver, ou transférer.

La liste des outils disponibles sera plus concise, mais il sera toujours possible de demander d'en installer si besoin.

Les banques de séquences utilisées avec les outils seront installées sur demande.

L'ancienne infrastructure sera maintenue opérationnelle jusqu'en décembre.

Après cette date, l'ancien serveur sera toujours disponible pour récupérer des données, mais la soumission de job ne sera plus possible.

L'ancien serveur sera définitivement arrêté courant mars/avril 2022.

L'équipe Sigenae en charge de Galaxy sur la plateforme Genotoul est à votre écoute et pourra répondre à vos questions / suggestions à l'adresse suivante : support.sigenae@inrae.fr



Renforcement de l'équipe

Philippe Bordron nous a rejoint le 1er octobre dernier en tant qu'ingénieur en développement logiciel.

Informaticien de formation, il a fait une thèse en (bio)informatique dans l'équipe ComBi au LS2N à Nantes, où il a travaillé à l'intégration de données omiques à l'échelle des systèmes bactériens en utilisant des approches basées sur la théorie des graphes.

Il a ensuite poursuivi ses travaux à l'échelle des communautés bactériennes dans le cadre d'un postdoc dans l'équipe MathOmics, au CMM (Universidad de Chile à Santiago de Chile) au Chili.

Il est ensuite devenu ingénieur calcul scientifique à la Station Biologique de Roscoff dans l'équipe ABiMS. Il y gère le cluster de calcul, l'installation des logiciels et de certains services web comme l'instance Galaxy galaxy4metab.

Il a ensuite rebasculé sur la bioanalyse en intégrant l'équipe TENS (Inserm U1235) à Nantes, où il a réalisé principalement des analyses de données de RNASeq, 3'SRP et 16S, et de la spécialisation de réseaux métaboliques humains tout en contribuant fortement aux pipelines d'analyse de la plateforme BiRD et l'équipe ComBi à Nantes.

Bienvenu à lui dans l'équipe !

Cycles d'apprentissage

Des places disponibles sur nos formations 2021

En partenariat avec Sigenae, NED (GenPhySE), SaAB (MIAT), nous vous proposons 2 cycles d'apprentissage pour lesquels il reste encore quelques places.

Sur notre site internet, vous trouverez les [tarifs](#) et [le formulaire d'inscription](#).

Certains se feront en présentiel ou en visio selon les cas.

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

Le plateforme de biostatistique toulousaine propose également des formations que vous trouverez [ici](#).

	Date	Pré-requis	Places disponibles
Alignment and variants calling en présentiel (en ligne de commande)	15 – 16 novembre	Linux Cluster	2 places
FROGS en visio et sous Galaxy	29 nov. - 2 déc	Aucun	3 places

Nous mettrons en fin d'année sur notre site web, les cycles d'apprentissage 2022. N'hésitez pas à aller voir régulièrement sur la page training. Les supports de formation sont systématiquement mis à votre disposition sur la page de description des formations.

Dix règles simples pour rendre l'informatique plus respectueuse de l'environnement

Lannelongue L, Grealey J, Bateman A, Inouye M (2021) Ten simple rules to make your computing more environmentally sustainable. PLoS Comput Biol 17(9): e1009324. <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1009324>

Un article est paru en septembre dernier dans PLOS computational biology. La crise climatique nous amenant à remettre en question nos pratiques, cet article nous conseille 10 règles à suivre pour tenir compte de l'empreinte carbone de nos projets.

Voici pour exemple certaines de ces règles : choisir son centre de calcul selon le mix énergétique utilisé, choisir son matériel, augmenter l'efficacité de son code, être un analyste frugal, garder son matériel longtemps et le réparer etc.

Bonne lecture.

@BioinfoGenotoul
<http://bioinfo.genotoul.fr>