

# 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.



## Prochains cycles d'apprentissage

En partenariat avec Sigenae et l'équipe SaAB de l'unité MIAT, nous vous proposons plusieurs cycles d'apprentissage en 2023. Il s'agit de sessions RNASeq (3,5 jours), une journée linux, une journée cluster, une session détection de variants (2 jours) et une toute nouvelle journée sur les lignes de commande en Perl. Le détail des formations, les tarifs et le formulaire d'inscription sont disponibles sur notre [site internet](#) via l'URL :

<http://bioinfo.genotoul.fr/index.php/training-2/training/>. Toutes les formations auront lieu en présentiel dans la salle de formation de l'unité MIAT (INRAE Toulouse, site d'Auzeville), sauf contraintes sanitaires particulières. Vous trouverez également d'autres cycles d'apprentissage en bioinformatique sur le site de l'IFB (Institut Français de Bioinformatique) sur la page : <https://www.france-bioinformatique.fr/formations/>

La plateforme GenoToul biostat propose une dizaine de cycles d'apprentissage principalement sous R sur la page : <https://perso.math.univ-toulouse.fr/biostat/>

Une nouvelle session de 3 jours est planifiée sur l'utilisation de l'environnement Asterics (nouvelle interface web pour explorer et intégrer des données omiques : <https://asterics.miat.inrae.fr/>)

## Bonne année 2023

### Les nouveautés 2023

Toute l'équipe de la plateforme Bioinfo GenoToul vous souhaite ses meilleurs vœux pour cette nouvelle année.

En ce qui nous concerne, cette année sera marquée par des nouveautés :

### **Changement du binôme de direction de la plateforme**

Après 20 années d'animation de la plateforme, Christine Gaspin (responsable scientifique depuis 2003) et Christophe Klopp (responsable technique depuis 2007) passent la main à Claire Hoede (responsable technique) et Matthias Zytnicki (responsable scientifique). Claire Hoede est membre de la plateforme depuis 2011 et Matthias Zytnicki, nouvellement arrivé en 2022, partagera son temps entre la plateforme et l'équipe de recherche SaAB de l'unité MIAT.

Le site web a été mis à jour et vous présente l'organisation de la nouvelle équipe :

(<http://bioinfo.genotoul.fr/index.php/about-us/contact-us/>).

### **Changement de cluster**

Nous venons d'acquieser un cluster de calcul, plus performant, qui va remplacer ceux de 2014 (en partie éteint) et 2017. Il sera ouvert aux utilisateurs au printemps 2023. Nous prévoyons en 2023 une période de chevauchement pendant laquelle le cluster de 2017 et le nouveau cohabiteront.

Attention, les espaces /home et /work seront différents entre les deux infrastructures. Seul le /save sera partagé.

Les logiciels seront installés sur le nouveau cluster au fur et à mesure de vos demandes (via le formulaire dédié sur notre site web).

Nous organiserons un séminaire pour présenter le nouveau cluster et les modalités de migration prochainement. La date sera annoncée par e-mail et sur notre compte twitter.

Le cluster comportera 5000 cœurs de calcul (sans l'hyper-threading). Chaque nœud comportera 128 cœurs et 2To de RAM, soit 16Go de RAM par cœur. Un nœud de calcul GPU avec 4 cartes graphiques A100 80Go et un nœud de visualisation graphique seront également disponibles. La file d'attente sera gérée via slurm, et une nouvelle interface web (portail Open On-demand-2.0) permettra de lancer des jobs et de travailler avec Jupyter et RStudio.