

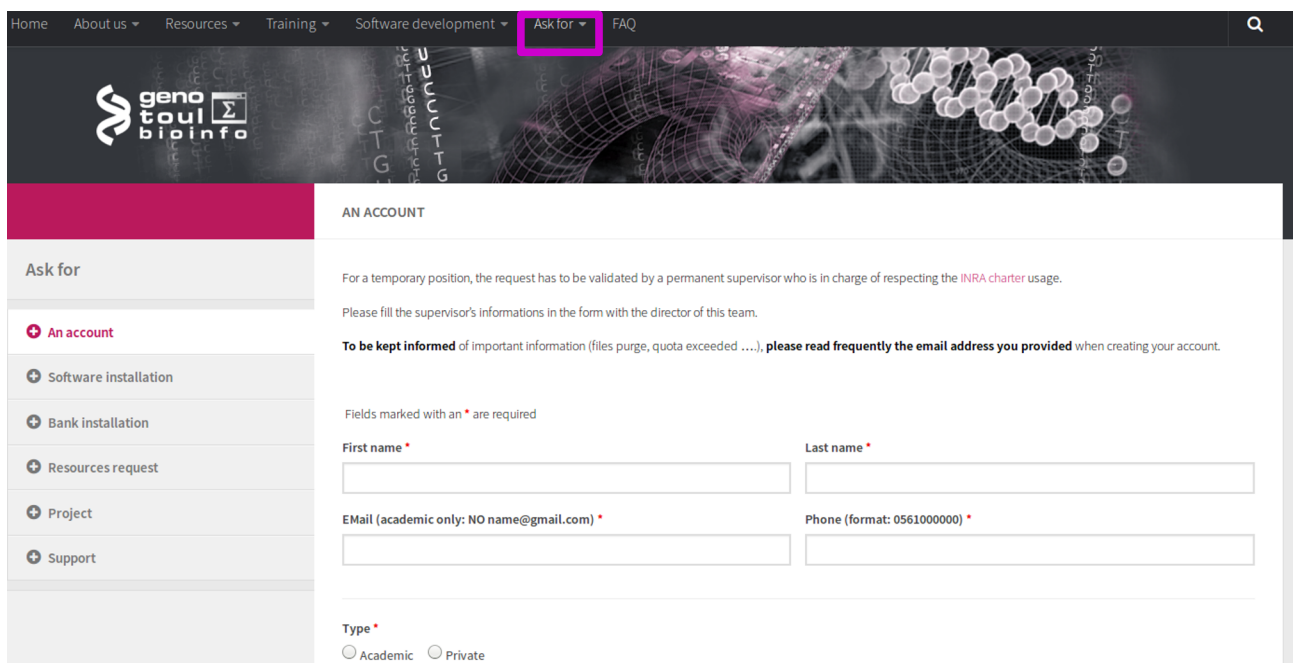
Cette lettre d'information est destinée aux membres des équipes de recherche utilisant la plate-forme bio-informatique GenoToul. Elle a pour but de vous informer sur les évolutions de l'équipe, les nouveaux outils, services, conditions d'utilisation, projets et formations mis en place. Ce numéro est un numéro spécial afin de vous présenter notre nouveau site web.

1/ Pourquoi changer de site web ?

Il était nécessaire de changer de machine pour des raisons de sécurité informatique, de plus nous voulions changer de CMS (Content Management System), c'est à dire, passer de typo3 à WordPress qui est largement utilisé, fourni plus de plugin et dont l'administration est plus facile. Enfin, nous avons rajouté certaines fonctionnalités que nous allons vous présenter dans la suite de cette lettre.

2/ La nouvelle rubrique « Ask for »

A partir de la rubrique « Ask for » de notre nouveau site web vous avez maintenant accès à plusieurs formulaires de demandes. Vous pouvez demander un compte sur le cluster et sur l'instance Galaxy (« An account »), l'installation ou la mise à jour d'un logiciel (« Software installation »), l'installation ou la mise à jour d'une banque (« Bank installation »). Vous pouvez également nous solliciter pour obtenir davantage de ressources : RAM, CPU, espace disque (« Ressources request »), ce service peut être payant selon les cas. Si vous souhaitez bénéficier de notre expertise pour vous aider dans vos projets traitants des NGS le formulaire ad hoc est celui intitulé « Projets ». Si vous avez besoin d'un support technique un formulaire est également accessible sous la rubrique Ask for (« Support »).



The screenshot shows the website's navigation bar with 'Ask for' highlighted. Below it, a sidebar lists options: 'An account', 'Software installation', 'Bank installation', 'Resources request', 'Project', and 'Support'. The main content area displays the 'AN ACCOUNT' form, which includes instructions for temporary positions, a note about INRA charter usage, and a list of required fields: First name, Last name, EMail (academic only: NO name@gmail.com), and Phone (format: 0561000000). There is also a 'Type' section with radio buttons for 'Academic' and 'Private'.

3/ La nouvelle FAQ

La nouvelle Foire Aux Questions du nouveau site web se présente sous la forme de diverses catégories. Il suffit de cliquer sur la catégorie de questions qui vous intéresse (par exemple « User Access ») pour accéder aux différentes informations utiles que nous mettons à votre disposition.

Welcome on the Genotoul FAQ, here under are listed the most frequently asked questions and some application examples. These questions are categorized in different sections:



User Access



Self Training



Linux



Default Ressources



Job Submission



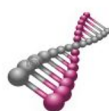
Databanks



Software



Errors and Tricks



NGS data



Cite us

Il est possible de rechercher dans la FAQ. Par exemple vous pouvez rechercher qarray dans la zone de recherche en haut à droite et vous obtiendrez toutes les sections du site comportant ce mot y compris celles de la FAQ. Le mot recherché apparaîtra en rose dans les pages de résultats.

4/ Liste des logiciels installés réorganisée

La liste des logiciels installés sur le cluster a été modifiée, et les liens vers le site web du logiciel vérifiés. Sur le nouveau site web elle se situe dans Resources / Softwares. Cette page permet de faire une recherche sur cette page ou de sélectionner une catégorie de logiciels.

5/ Les cycles d'apprentissage

La présentation des prochains cycles d'apprentissage proposés a été visuellement améliorée : nous séparons maintenant ceux qui se font sous Galaxy de ceux qui se font en ligne de commande. De plus il n'est plus nécessaire de se loguer sur le site web pour s'inscrire à une formation.

COMMAND LINE TRAINING



The GenoToul bioinformatics platform, Sigeneae, NED (GenPhySE) and TWB offers a catalog of training sessions. If you need bio-informatic training on tools which are not covered in the existing catalog please feel free to [contact us](#) (please add "Request for training" in the subject of your demand). To get all administrative information have a look at the [pricing](#) page. If you need administrative help please contact: Alain.Perault@tlnra.fr.

The training material are in English but the training will be delivered in French. Some courses are available on the [Sigeneae e-learning Platform](#) (please connect with your genotoul LDAP login/password. If necessary, ask for a LDAP account [here](#)).

Événement	Date / Heure	Organizers	Vacancies	Registration
Methods for phylogenetic trees construction	-	H. Chiapello	-	-
Phylogenomics and selection pressure	-	C. Hoede	-	-
RNAseq alignment and transcripts assemblies	-	C. Cabau	-	-
RNAseq de novo assembly	-	C. Klopp	-	-
Sequences alignment and phylogeny	-	C. Hoede	-	-
sRNAseq	-	J. Mariette	-	-
Linux	06/03/2017 9 h 00 - 17 h 00	D.Laborie, A.Perault, F. Cerutti	10	Register now
Cluster	07/03/2017 9 h 00 - 17 h 00	D.Laborie; F. Cerutti; A. Perault	10	Register now
Read alignment and small size variants calling	08/03/2017 - 09/03/2017 9 h 00 - 12 h 00	P. Bardou, S. Rodriguez	10	Register now



Pour vous inscrire cliquer ici. Plus besoin de se loguer sur le site ni de créer un compte pour s'inscrire à une formation sur le nouveau site web de la plateforme.

6/ Informations diverses

A/ Les prochains cycles d'apprentissage

Sigenae et bioinfo genotoul vous proposent de vous former aux analyses bioinformatiques des données NGS en ligne de commande du 6 au 9 mars 2016

Ce cycle d'apprentissage est composé de 3 modules indépendants :

- **Unix / Linux** : cette journée vous permettra de connaître les commandes de base servant, par exemple, à se connecter, à copier des fichiers, les éditer et en sécuriser l'accès. Vous apprendrez aussi comment gérer votre espace disque, compresser et décompresser des fichiers. Connaître ces commandes consiste un pré-requis pour les 3 autres modules. Ce module vous permettra de mieux comprendre notre infrastructure et de découvrir comment s'en servir efficacement.
- **Cluster** : cette deuxième journée vous permettra quant à elle de lancer vos premiers jobs sur le cluster de calcul. Nous aborderons aussi les réservations de ressources (CPU, mémoire ...) et nous apprendrons comment suivre les différents "jobs" lancés. Lors des travaux pratiques vous découvrirez, entre autre, où sont situés les logiciels et les banques de données que nous mettons à votre disposition. Pré-requis demandé : savoir utiliser un environnement Linux.
- **Reads alignment and small size variants calling** : il s'agit d'1,5 jours de formation vous permettant de comprendre les principaux formats de fichiers manipulés, d'apprendre à aligner les lectures sur un génome de référence et de détecter SNP et petits indels via la suite GATK. Pré-requis demandé : savoir utiliser un environnement Linux.

Pour tous les cycles d'apprentissage :

Ces formations sont organisées sur le site INRA de Toulouse Auzeville.

Les tarifs sont disponibles à l'adresse suivante : <http://bioinfo.genotoul.fr/index.php/training-2/pricing/>.

Les inscriptions s'effectuent sur cette page : <http://bioinfo.genotoul.fr/index.php/training-2/training/>.

B/ Arrivée dans l'équipe

Floréal Cabagnettes est en CDD pour 1 an. Il est financé par France Génomique et le projet ANR KolimastIR (Sigenae) et automatise sous Jflow le pipeline d'analyse de données RNASeq avec génome de référence. Les membres de l'équipe sont présentés sur cette page : <http://bioinfo.genotoul.fr/index.php/about-us/contact-us/> régulièrement mise à jour.

C/ Quelques consignes de bonnes pratiques

Pour que l'ensemble des utilisateurs de genotoul puissent travailler dans de bonnes conditions le traitement des données sur le serveur frontal est interdit. Les serveurs genotoul sont réservés exclusivement à la connexion, au transfert de données, à la compilation, au test de la ligne de commande et à la soumission de jobs sur le cluster de calcul. Tout traitement de données lancé directement (sans «qsub», «qarray», «qcrsh» ou «qlogin») sera systématiquement interrompu sans préavis par les administrateurs système. Ces quatre commandes sont explicitées dans notre FAQ, rubrique « Job Submission » (http://bioinfo.genotoul.fr/index.php/faq/job_submission_faq/) à la question : « Which commands can I use to submit my job » ?

De plus, lorsque vous êtes en qlogin et en qcrsh, si vous avez fini vos traitements, nous vous conseillons de fermer votre session car cela occupe un nœud et compte dans votre quota CPU.

D/ Remerciements et publications

Vous êtes de plus en plus nombreux à utiliser l'infrastructure de Genotoul Bioinfo et à la citer dans vos publications. Nous vous en remercions. Le nombre de publications remerciant la plateforme Bioinfo GenoToul est un indicateur de notre utilité pour nos recherches de financements par exemple. C'est pourquoi nous vous proposons le modèle de phrase suivant lorsque vos publications traitent d'un sujet ayant bénéficié des ressources de la plateforme : "We are grateful to the genotoul bioinformatics platform Toulouse Midi-Pyrenees for providing help and/or computing and/or storage resources".

Dans le cadre d'une collaboration, vous pouvez directement citer la / les personnes qui ont participé au projet de la manière suivante : Name, bioinformatics platform Toulouse Midi-Pyrenees, MIAT UR 875, INRA Auzeville CS 52627 31326 Castanet Tolosan cedex.

Vous trouverez sur notre site web (<http://bioinfo.genotoul.fr/index.php/about-us/publications/>), la liste des publications ayant utilisé l'infrastructure bioinfo Genotoul. Si vous avez publié en utilisant nos ressources et que votre article n'y apparaît pas, merci de nous en communiquer les références par mail à anim.bioinfo@toulouse.inra.fr.

Nous vous souhaitons à tous de très belles fêtes de fin d'années !

Pour toute demande d'information ou de travaux, veuillez remplir le formulaire adéquat sur la page : <http://bioinfo.genotoul.fr/index.php/ask-for/support/>.