

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.



Migration vers SLURM

A partir du 1er Septembre, plus aucun logiciel ne sera installé sur le cluster genotoul/SGE. Si vous avez encore besoin d'une mise à jour sur l'ancien cluster (projet en cours, migration complexe), merci de le demander rapidement. Pour ceux qui ne l'ont pas encore fait, profitez de cet été pour utiliser le nouveau cluster genologin/SLURM. N'hésitez pas à anticiper vos besoins car les demandes d'installation sont assez nombreuses et prennent plus de temps qu'avant (la documentation associée est enrichie).

La plate-forme Bioinfo vous encourage à utiliser le nouveau cluster genologin / SLURM (à la place de genotoul / SGE). Les ressources du cluster SGE vont diminuer progressivement au profit du cluster SLURM. Le cluster SGE sera définitivement fermé à la fin de l'année 2018 (sauf pour les workflows de traitement sur les machines virtuelles qui prendront plus de temps pour migrer). Pour vous aider, nous avons mis à jour la FAQ, n'hésitez pas à la consulter:

http://bioinfo.genotoul.fr/index.php/faq/job_submission_faq/

Tarification machine virtuelle

1^{er} juillet 2018

La mise à disposition de machines virtuelles (MV) par la plateforme GenoToul Bioinfo sera payante à partir du 1^{er} juillet 2018 pour les nouvelles MV et à la date du renouvellement du contrat pour les autres. Les tarifs pour une MV « standard » sont disponibles sur notre site web et dans le tableau ci-dessous.

Origine Demandeur	Durée			
	1 an	2 ans	3 ans	4 ans
Académique - INRA	160€ HT	320€ HT	480€ HT	640€ HT
Académique - Région	176€ HT	352€ HT	528€ HT	704€ HT
Académique – Hors Région	295€ HT	590€ HT	885€ HT	1180€ HT
Privé	580€ HT	1160€ HT	1740€ HT	2320€ HT

Les autres configurations donneront lieu à l'établissement d'un devis spécifique.

Attention, il s'agit d'un hébergement "sec"; c'est à dire : mise à disposition d'un système d'exploitation standard (Linux), accès au réseau et espaces disques, accès éventuellement au cluster de calcul. Le service exploitation n'est pas inclus; il faut obligatoirement nommer une personne responsable de l'administration (installation et configuration des applications, mises à jour de sécurité etc...).



Galaxy

Aujourd'hui, l'instance Galaxy mise à disposition par l'équipe Sigeneae (sigeneae.org) rend disponibles plus de 300 outils. Pour pouvoir assurer une bonne qualité de service, la prochaine version de Galaxy, prévue à l'automne 2018, mettra à disposition un nombre réduit d'outils et de pipelines. Le but est de diminuer l'offre afin d'en assurer la qualité (mise en place de données tests partagées, pipelines rejouables régulièrement pour valider le bon fonctionnement des outils). Seront disponibles des outils statistiques, de traitement de fichiers, les pipelines Frogs, RNAseq, SNPs, et virologie.

Les outils hors de ces thématiques ainsi que les outils trop spécifiques à l'infrastructure Genotoul ne seront pas ré-installés sur la prochaine version de Galaxy. Dans un second temps, nous étudierons l'extension de ce périmètre une fois que la nouvelle version de Galaxy sera stabilisée et ceci en fonction des demandes qui nous arriveront.



support.sigeneae@inra.fr

Cycles d'apprentissage

Octobre novembre 2018

En partenariat avec Sigeneae, NED (GenPhySE), SaAB (MIAT) and TWB, nous vous proposons 5 cycles d'apprentissage, 3 en ligne de commande et 2 sous Galaxy :

	Date	Pré-requis	Places disponibles
Linux	12 novembre	Aucun	8 places
Cluster	13 novembre	Linux	8 places
RNAseq alignment and transcripts assemblies	14/15 novembre	Linux & cluster	8 places
Reads alignment and small size variants calling with Galaxy	8/9 octobre	Aucun	7 places
Metagenomic: amplicons and stats with FROGS	26-29 novembre	Aucun	4 places

Nos formations sont organisées sur le site INRA de Toulouse Auzeville. Les tarifs sont disponibles sur notre site :

<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/>

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

https://www.france-bioinformatique.fr/en/evenements_upcoming

et de la SFBI (Société française de bioinformatique) :

<https://www.sfbi.fr/programs/2>



Journée GenoToul bioinfo / biostat

13 décembre 2018

Salle de conférence Marc Ridet
INRA d'Auzeville

Inscriptions gratuites mais obligatoires

<https://bioinfo-biostat.sciencesconf.org>

La journée GenoToul bioinfo / biostat s'inscrit dans le cadre des échanges entre les équipes de bioinformatique, de biostatistique et de biologie régionales. Ces rencontres peuvent concerner la recherche méthodologique comme des aspects plus opérationnels de l'exploitation des données par la mise en œuvre jusqu'au développement d'outils de bioinformatique ou de biostatistique. Nous invitons toutes les personnes intéressées en région (organismes publics et entreprises privées) à proposer un résumé (1 à 2 pages) pour une contribution orale ou par affiche.

Les inscriptions seront possibles du 23 juillet au 29 novembre 2018. La date limite de soumission d'un résumé est fixée le 30 octobre 2018.

Comité d'organisation : S. Déjean, F. Escudié, C. Gaspin, S. Laguerre, P. Neval, C. Noiroto, Y. Quentin, N. Vialaneix, M. Zytnicki