

Aujourd'hui

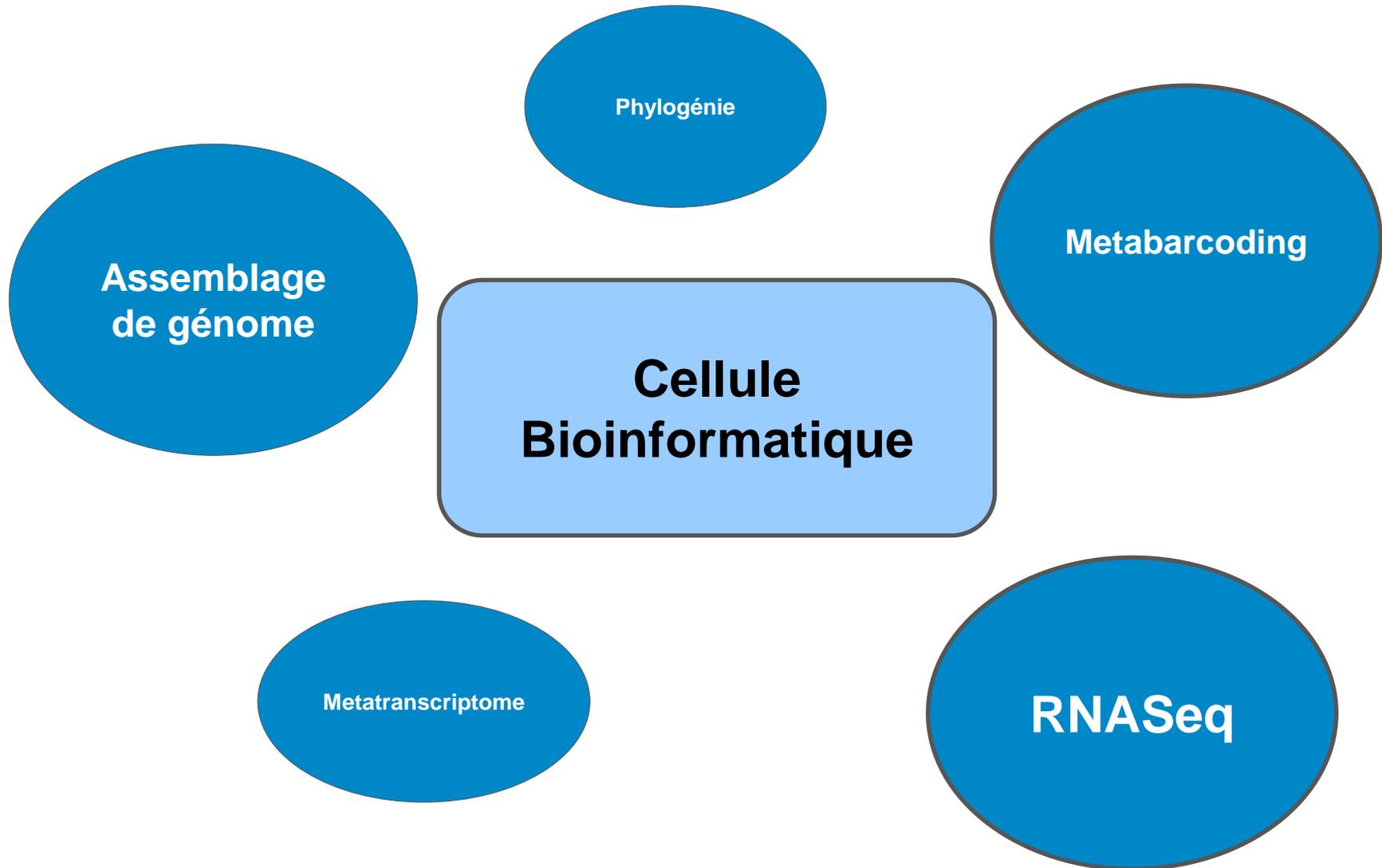
Cellule Bioinformatique

- Créée en 2010
- Rattachée au service RIC
 - Agents :
 - Laure Quintric
 - Fanny Marquer
 - Contrat pro :
 - Caroline Dussart

Ses fonctions :

- Assurer un support à l'analyse de données de biologie moléculaire aux scientifiques

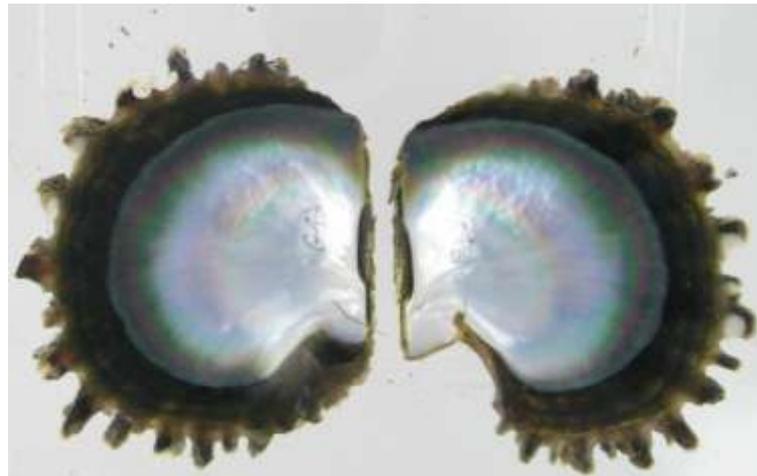
Aujourd'hui : des projets importants



Aujourd'hui : des projets importants

Assemblage du génome de l'huître perlière :

pinctada margaritifera

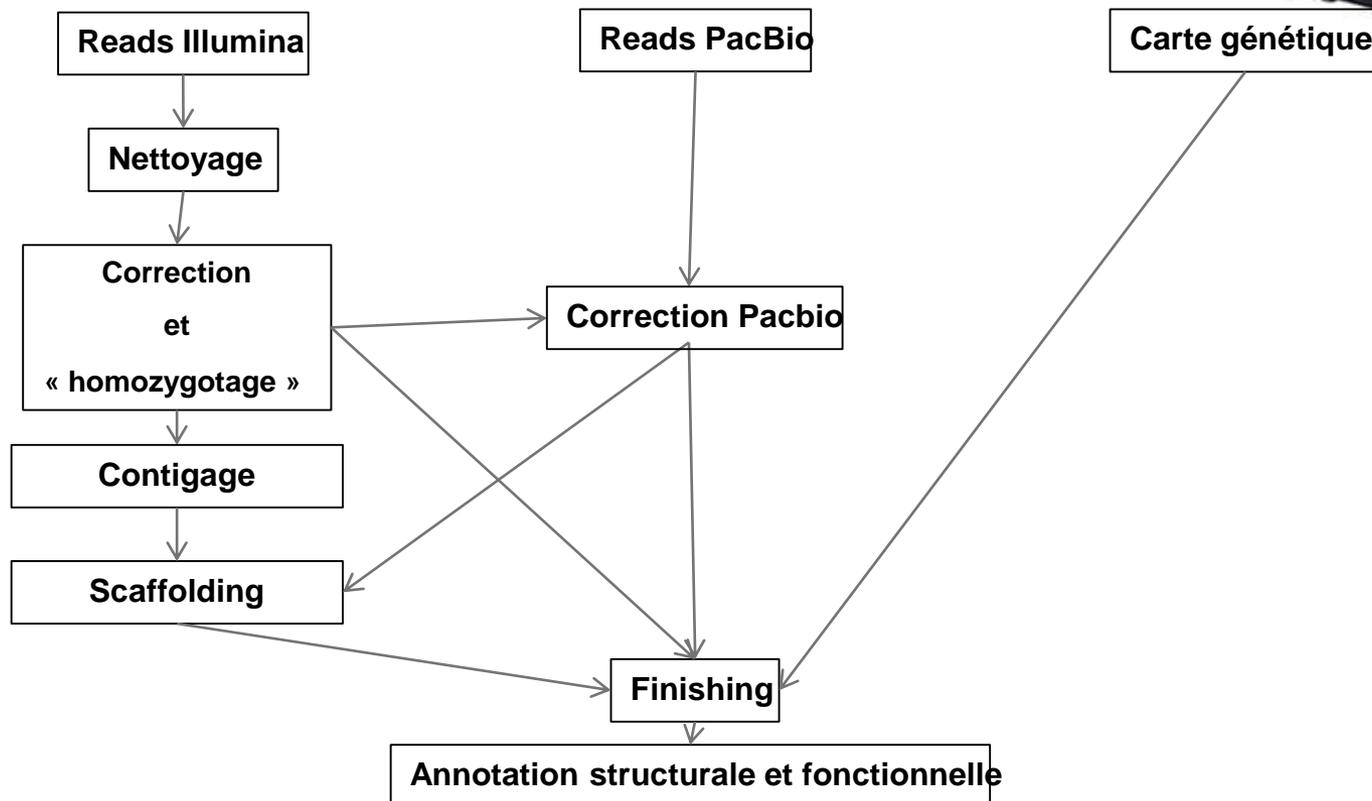


Projet en cours :

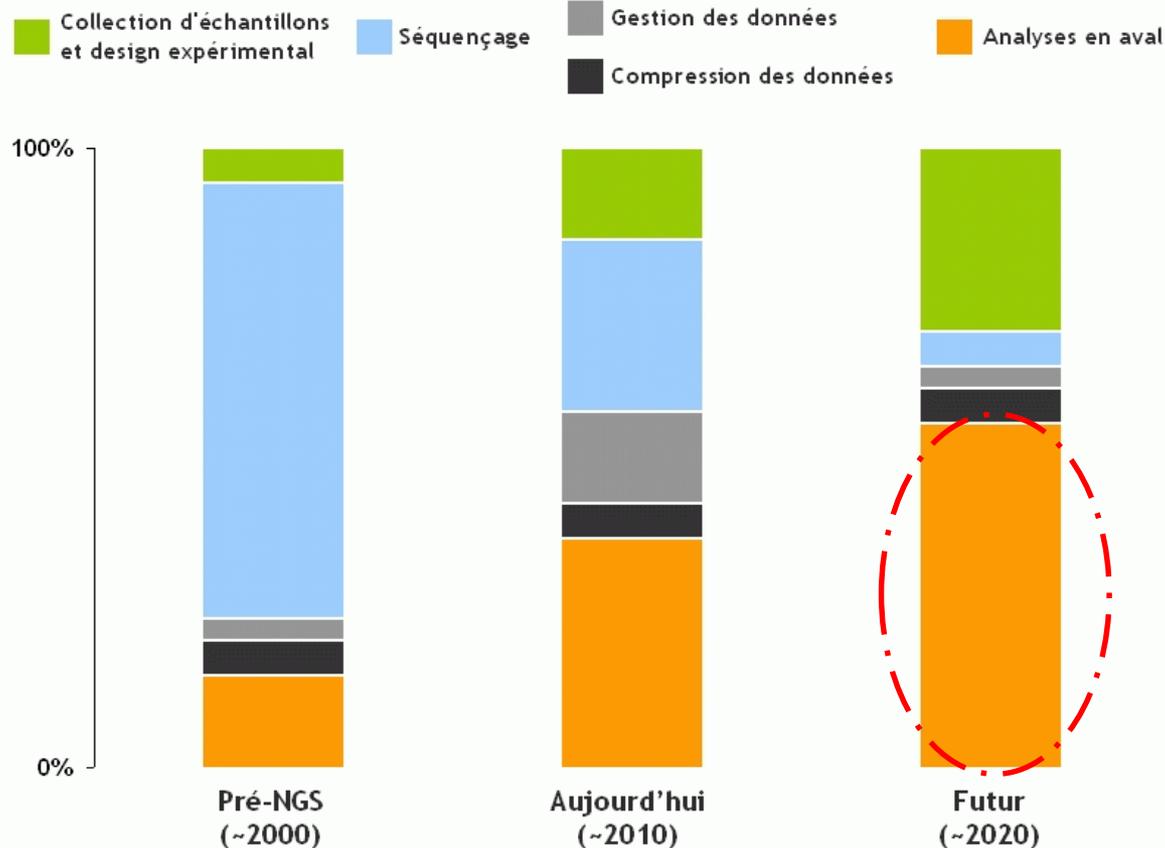
Ifremer Vairo - UMR n°241 - Jérémie Vidal-Dupiol

Aujourd'hui : des projets importants

-Séquençage du génome



Mais demain toujours plus..



Evolution dans le temps de la contribution de différents facteurs dans le coût global d'un projet de séquençage.

Mais demain toujours plus..

- D'utilisateurs,
- De projets,
- De données,
- De capacité de calcul,

=>De besoin en ressources

=>De complexité dans la maintenabilité de nos outils

Mais demain toujours plus..

-Besoin en ressources

UV2000 à la rescousse



Configuration :

-2 nœuds de calcul (service2 et service3)

1 To de mémoire chacun

32 CPU / nœud

Mais demain toujours plus...

Docker une solution aux problèmes de version

```
#!/usr/bin/env bash
#PBS -q uv@vpbs-test
#PBS -l select=1:ncpus=8:mem=200gb:walltime=500:00:00"
#PBS -v DOCKER_IMAGE="docker.ifremer.fr:5043/canu:1.3"
#LIGNE A MODIFIER : METTRE LA COMMANDE A EXECUTER
#mkdir -p /work/$USER/ecoli-auto
canu-1.3/*/bin/canu -correct \-p canu_tiso -d /work/$US
maxMemory=200 max:Threads=8
```



Mais demain toujours plus...

PROTOCOL

Transcript-level expression analysis of RNA-seq experiments with HISAT, StringTie and Ballgown

Mihaela Pertea^{1,2}, Daehwan Kim¹, Geo M Pertea¹, Jeffrey T Leek³ & Steven L Salzberg¹⁻⁴

- Data (example RNA-seq reads, indexes and gene annotations for use in this protocol are available at ftp://ftp.ccb.jhu.edu/pub/RNAseq_protocol; see Equipment Setup for details)
- HISAT2 software (<http://ccb.jhu.edu/software/hisat2> or <http://github.com/infphilo/hisat2>, version 2.0.1 or later)
- StringTie software (<http://ccb.jhu.edu/software/stringtie> or <https://github.com/gpertea/stringtie>, version 1.2.2 or later)
- SAMtools (<http://samtools.sourceforge.net>, version 0.1.19 or later)
- R (<https://www.r-project.org>, version 3.2.2 or later)

Mais demain toujours plus...

```
vbioinfo3:/home12/caparmor/bioinfo/tools/docker/images/samtools% ls  
Dockerfile-0.0.8 Dockerfile-1.3.1
```

```
#Samtools version 0.0.8  
FROM debian:jessie  
RUN apt-get update && \  
    DEBIAN_FRONTEND=noninteractive apt-get install -y wget gzip build-essential  
  
# install cutadapt  
workdir /tmp/  
RUN apt-get install -y libncurses5-dev && \  
    apt-get install -y zlib1g-dev && \  
    wget https://github.com/samtools/samtools/archive/0.0.8.tar.gz && \  
    tar xvzf 0.0.8.tar.gz && \  
    cd samtools-0.0.8 && \  
    make && \  
    make install
```

```
#Samtools version 1.3.1  
FROM debian:jessie  
RUN apt-get update && \  
    DEBIAN_FRONTEND=noninteractive apt-get install -y wget bzip2 build-essential  
  
# Install cutadapt  
WORKDIR /tmp/  
RUN wget https://github.com/samtools/samtools/releases/download/1.3.1/samtools-1.3.1.tar.bz2 && \  
    bzip2 -dc samtools-1.3.1.tar.bz2 | tar -xf - && \  
    apt-get install -y libncurses5-dev && \  
    apt-get install -y zlib1g-dev && \  
    cd samtools-1.3.1 && \  
    ./configure && \  
    make && \  
    make install  
WORKDIR /  
#clean  
RUN apt-get clean; apt-get remove --yes --purge build-essential  
  
CMD ["/bin/bash"]
```

Bioinfo-contact

Pour nous contacter :

bioinfo@ifremer.fr

merci à Jérémie Vidal-Dupiol et Laure Quintric