

SUIVI PROJET

Reprohackathon

19/10/2024

Mélodie **Fleury** - Matéo **Petit** - Antoine **Loth** - Martin **Amiens**

Rappel des principaux éléments du sujet de l'article

<https://doi.org/10.1038/s41467-020-15966-7>

OPEN

Intracellular *Staphylococcus aureus* persists upon antibiotic exposure

Frédéric Peyrusson¹, Hugo Varet², Tiep Khac Nguyen¹, Rachel Legendre², Odile Sismeiro³, Jean-Yves Coppée³, Christiane Wolz⁴, Tanel Tenson⁵ & Françoise Van Bambeke¹✉

Étude du **transcriptome** de staphylocoques afin de comparer les phénotypes normaux (« *Control* ») et persistants (« *Intracellular persister* »). 3 prélèvements de chaque type ont été analysés.

Tâches effectuées/en cours

- Créations de wikis (tutoriels) d'installation :
 - Singularity
 - SRA Toolkit
 - Snakemake
- Création Kaban (organisation)
- Étape 1 Workflow : Téléchargement des données
- Questions
- La suite

Créations de wikis (tutoriels) d'installation

→ Accès aux différents wikis : https://github.com/Antoine2596/Hackathon_LMMM/wiki

Home

Antoine2596 edited this page 16 hours ago · 10 revisions

Bienvenue sur le wiki

Ce wiki contient des instructions pour installer et configurer plusieurs outils essentiels utilisés dans ce projet, notamment SingularityCE et SRA Toolkit et Snakemake. Chaque outil est essentiel pour le traitement des données et le workflow reproductible dans des environnements de recherche scientifique. Les pages sont structurées pour vous guider à travers chaque étape de l'installation, de la configuration et de la vérification.

Installation des outils et Configuration

1. [Installation de SingularityCE](#) sur une machine virtuelle Biopipes (disponible sur biosphère)

SingularityCE est une solution de conteneurisation optimisée pour l'exécution d'applications scientifiques dans des environnements HPC (High-Performance Computing). Cette page vous guide pas à pas pour installer SingularityCE et ses dépendances, ainsi que Go, nécessaire pour son bon fonctionnement.

2. [Installation de SRA Toolkit](#) sur une machine virtuelle Biopipes (disponible sur biosphère)

Le SRA Toolkit vous permet de télécharger et de manipuler des fichiers de séquençage génomique issus de la base de données SRA (Sequence Read Archive). Cette page fournit des instructions pour installer SRA Toolkit via `apt` ou manuellement, ainsi que des exemples pour télécharger des données et les convertir en fichiers FASTQ.




3. [Installation de Snakemake](#) en local







Pages 5


Find a page...

- Home
 - Bienvenue sur le wiki
 - Installation des outils et Configuration
 - Utilisation
 - Environnement recommandé
- Connexion-github
 - Configuration de Git et clé SSH
 - Étape 1 : Installer Git
 - Étape 2 : Générer une clé SSH
 - Étape 3 : Afficher la clé publique SSH
 - Étape 4 : Ajouter la clé SSH à votre compte GitHub
 - Étape 5 : Cloner un dépôt GitHub via SSH




Création Kaban (organisation)



 Antoine2596 / Projects / **Kaban** 





Kaban 

Add status update





 Kaban 


Tableur  + New view


 Filter by keyword or by field


Discard Save

 **Todo** 5 


This item hasn't been started

 Draft


Faire wiki "Téléchargement données" 


 Draft

Corriger Bash singularity



 Draft

faire une page wiki sur la connexion a github depuis la vm

 Draft



Faire Trim Galore 

+ Add item

 **In Progress** 0 



This is actively being worked on


+ Add item

 **Done** 0 


This has been completed

+ Add item


 **Questions ?** 2 

 Draft

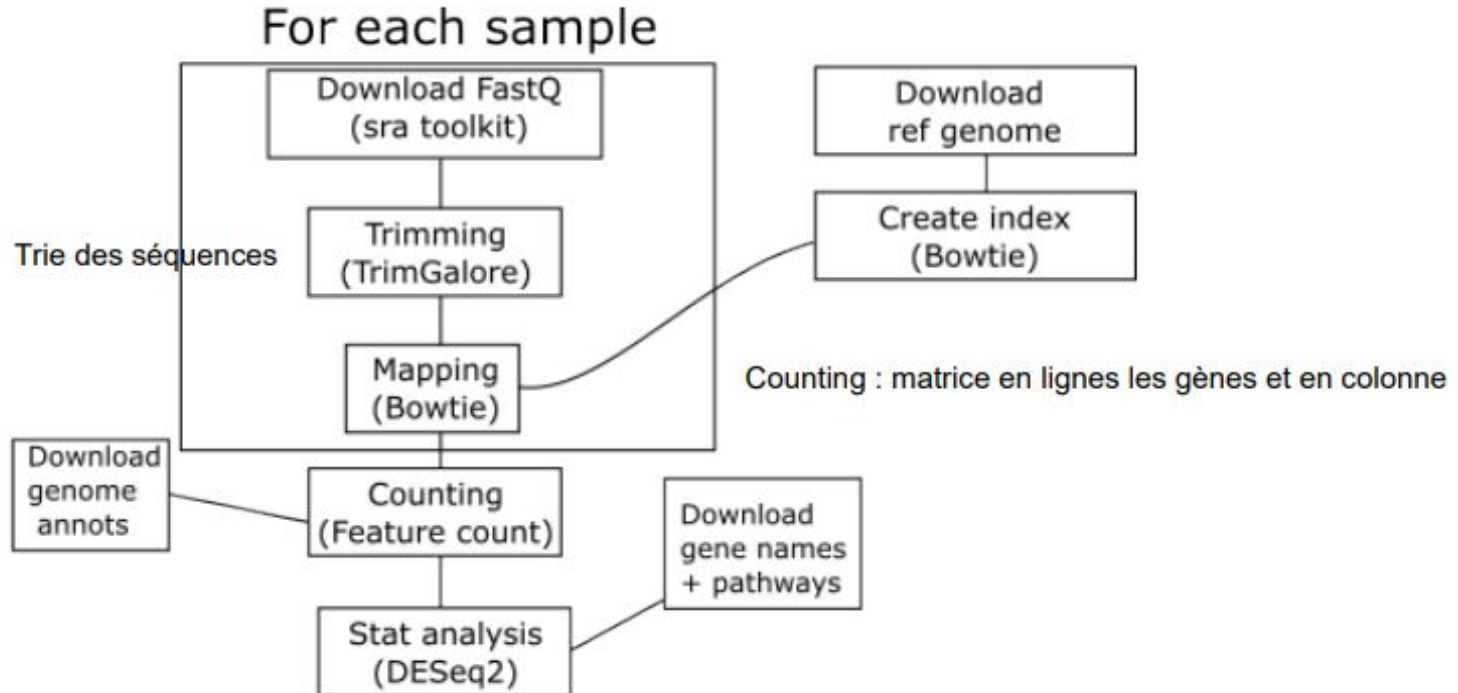
type de vm sur lesquelles ils vont y tester (y faut installer conda etc ?)

 Draft

est-ce que le nombre de threadschange le temp de telechargement des données

+ Add item 

Workflow



Étape 1 Workflow : Téléchargement des données

```
sudo apt install sra-toolkit
```

```
#Control replicate 1
fasterq-dump SRR10379724 --mem 8 --threads 4 --details --progress
#Control replicate 2
fasterq-dump SRR10379725 --mem 8 --threads 4 --details --progress
#Control replicate 3
fasterq-dump SRR10379726 --mem 8 --threads 4 --details --progress
#Intracellular persister replicate 1
fasterq-dump SRR10379723 --mem 8 --threads 4 --details --progress
#Intracellular persister replicate 2
fasterq-dump SRR10379722 --mem 8 --threads 4 --details --progress
#Intracellular persister replicate 3
fasterq-dump SRR10379721 --mem 8 --threads 4 --details --progress
```

```
ubuntu@machine12c0594b-b12b-452d-9eb5-bf937fcb7bb4:~/Hackathon$ ls -ltrh
total 51G
-rw-rw-r-- 1 ubuntu ubuntu 9.4G Oct 17 16:56 SRR10379724.fastq
-rw-rw-r-- 1 ubuntu ubuntu 9.2G Oct 17 17:28 SRR10379725.fastq
-rw-rw-r-- 1 ubuntu ubuntu 5.4G Oct 17 17:41 SRR10379726.fastq
-rw-rw-r-- 1 ubuntu ubuntu 7.9G Oct 17 18:08 SRR10379723.fastq
-rw-rw-r-- 1 ubuntu ubuntu 8.8G Oct 17 18:21 SRR10379722.fastq
```

Étape 1 Workflow : Téléchargement des données

head -n 1000 <fastq>

```
ubuntu@machine12c0594b-b12b-452d-9eb5-bf937fcb7bb4:~/Hackathon$ ls -lrth
total 51G
-rw-rw-r-- 1 ubuntu ubuntu 9.4G Oct 17 16:56 SRR10379724.fastq
-rw-rw-r-- 1 ubuntu ubuntu 9.2G Oct 17 17:28 SRR10379725.fastq
-rw-rw-r-- 1 ubuntu ubuntu 5.4G Oct 17 17:41 SRR10379726.fastq
-rw-rw-r-- 1 ubuntu ubuntu 7.9G Oct 17 18:08 SRR10379723.fastq
-rw-rw-r-- 1 ubuntu ubuntu 8.8G Oct 17 18:21 SRR10379722.fastq
-rw-rw-r-- 1 ubuntu ubuntu 47K Oct 17 19:49 mini_22.fastq
-rw-rw-r-- 1 ubuntu ubuntu 47K Oct 17 19:49 mini_23.fastq
-rw-rw-r-- 1 ubuntu ubuntu 47K Oct 17 19:49 mini_24.fastq
-rw-rw-r-- 1 ubuntu ubuntu 47K Oct 17 19:49 mini_25.fastq
-rw-rw-r-- 1 ubuntu ubuntu 47K Oct 17 19:49 mini_26.fastq
-rw-rw-r-- 1 ubuntu ubuntu 11G Oct 17 20:35 SRR10379721.fastq
-rw-rw-r-- 1 ubuntu ubuntu 47K Oct 18 12:30 mini_21.fastq
```


Questions

- Temps de téléchargement des données : Normal ?
- Type de VM sur lesquelles ils vont tester ?
- Arrêt console → Arrêt de téléchargement des données, comment on peut gérer cela dans snakemake ?
- Nombre de threads → modification du temps de téléchargement des données ?

Suite projet

- Suite du workflow avec trimming d'abord
- Création image singularity pour sra tools