PLATE-FORME BIO-INFORMATIQUE IBIS

Historique de la bio-informatique à l'IBIS

- serveur institutionnel VAX
- 1994 Inauguration du PRSVS, serveur eukaryota : SUN Sparc 1000, 4 CPU, 256 Mb RAM, 8 Go Disque
 - « Étant donné la grande quantité d'espace disque disponible, il n'y a pas lieu d'imposer de quotas d'espace aux usagers »
- Logiciel vedette: Genetic Computer Group

Historique de la bio-informatique à l'IBIS

- 1997: meije SGI-CRAY Origin2000, 4 CPU, 8Gb RAM
- 2000: augmentation à 12 CPU, 20 Gb RAM
- 2003: elias SGI Altix 3700, 8 CPU, 16 Gb RAM
- 2005: logan, SGI Altix 3700, 32 CPU, 64 Gb RAM
- 2009: katak SGI UV100, 64 CPU, 1 Tb RAM
- 2016: katak-2 SGI UV300 128 CPU, 2Tb RAM

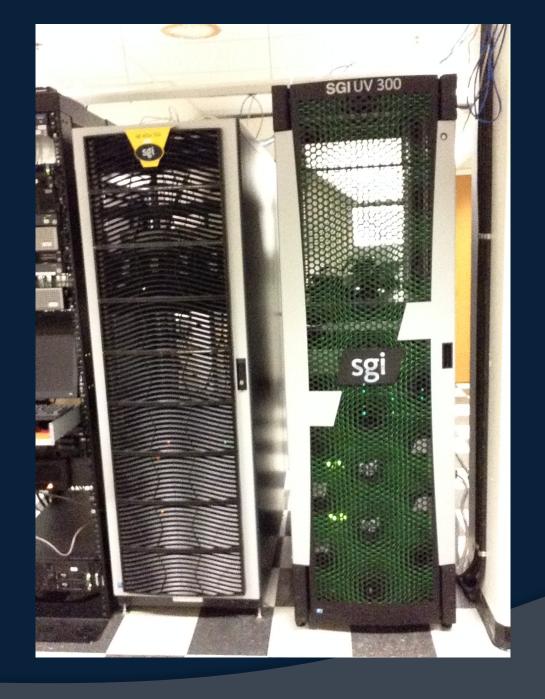


Plate-formes de services de l'IBIS

• Microscopie

Séquençage

Bio-informatique

Membres de l'équipe

- Halim Maaroufi, responsable de travaux pratiques et de recherche (modélisation et structure des protéines)
- Stéphane Larose, programmeur analyste (administration des systèmes)
- Didier Brison, techninicien informatique (bureautique)
- Jérôme Laroche, responsable de travaux pratiques et de recherche (génomique et transcriptomique)

Comité de gestion et supervision de la plate-forme de bio-informatique

- Roger Lévesque, directeur IBIS
- Patrick Lagüe, professeur
- Claude Lemieux, professeur
- Nicolas Derome, professeur
- Personnel de la Plate-Forme

Plate-forme de bio-informatique

• Mission

Appuyer les chercheurs et les étudiants dans leurs projets de recherche

Objectifs

- Développer un savoir-faire dans l'analyse bio-informatique
- Maintenir et développer une infrastructure de calcul
- Conseiller les chercheurs
- Participer aux projets

Clientèle de la plate-forme de bioinformatique

- IBIS
- Université Laval
- CHUQ
- Agriculture Canada
- Forêts Canada

Mes fonctions dans l'équipe

- Soutien aux projets de recherche en génomique et transcriptomique
 - Conseil aux chercheurs et auxétudiants
 - Installation de logiciels et de banques de données
 - Programmation de scripts de traitement
 - Analyse des données
- Administration des comptes et des licences
- Collaboration à l'administration des systèmes

Mes principaux champs d'expertise

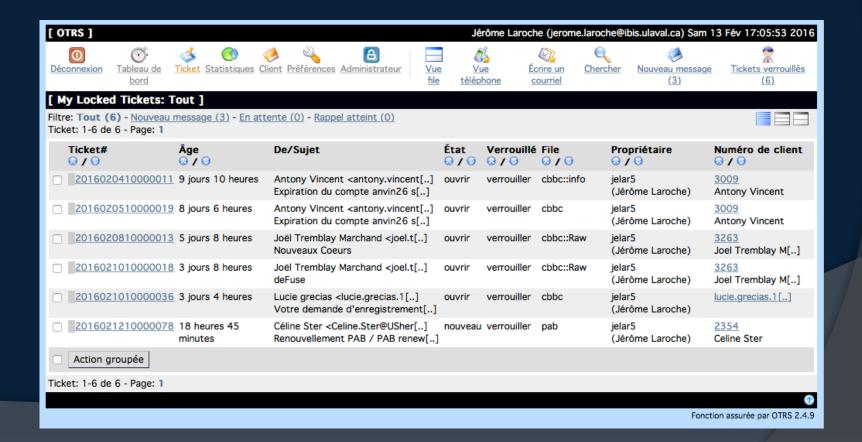
- traitement de séquences
- recherche de variants génétiques
- inférence phylogénétique
- génétique des populations
- évolution moléculaire
- RNA-seq

Exemples de collaborations

- SoyaGene (D. Torkamaneh, M. Jean, F. Belzile)
- Genomic and transcriptomic of Ophiostoma (M. Nigg, L. Bernier)
- Pseudo 1000 Genomes (R. Levesque)
- Cystomic of approach of food safety (R. Levesque)
- SmartForest (J Mackay, J. Bousquet)
- Genomic of Bovine Herpes Virus (C. Gagnon, S. Charrette)
- ADNe (A. L.-Roussel, L. Bernatchez)
- SNP analysis (J. S. Moore, L. Bernatchez)
- Phylogeny of Vachellia (A. Atangana, M. E. Beaulieu, D. Khasa)
- Puce Génotypage (J. Bousquet)
- Métagénomique Arctique (N. Joli, C. Lovejoy)
- Phylogeny of Garra (Cyprinidae) (I. Hashemzadeh, L. Bernatchez)
- Évolution Virus Porcin (C. Gagnon, C. Savard, UdM)

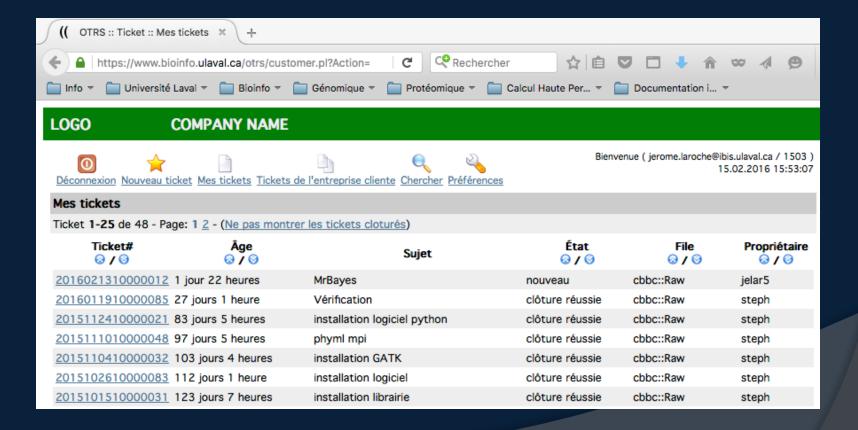
Demande de support

- support@bioinfo.ulaval.ca
- en personne, bureau 4233-D



OTRS: vue du client

https://www.bioinfo.ulaval.ca/otrs/customer.pl



Logiciels et données publiques

- Logiciels
 - /prg, /usr/local/bin, /usr/bin
- Banques de données publiques Blast, emboss, GenBank
 - /biodata

À venir

- Mise en service du nouveau serveur
- Installation de nouveaux outils:
 - Module
 - GLOBUS
 - SLURM (Simple Linux Utility for Resource Management)