

TP Initiation Cluster M1

Rappel des comptes fleur

- anemone arome aster bleuet camelia capucine chardon clematite
cobee
coquelicot cosmos cyclamen dahlia digitale geranium gerbera glaieul
hortensia

Connectez vous en ssh sur genologin.toulouse.inra.fr

- Puis allez dans le work de votre compte fleur
 - Pourquoi le work et pas le save ? Quel est la principale différence entre les deux ?
- Créez un répertoire nommé TP_cluster et allez dedans
- Utilisez la commande `srun -pty bash` pour demander à avoir accès à un nœud. Les ressources allouées par défaut sont 1cpu et 2Go de RAM
 - Sur quel nœud êtes-vous ?

Utilisation des e-utilities du NCBI

- Lire la documentation de edirect : documentation de edirect : <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK179288/>
- Trouvez le module load à faire : `search_module edirect`
- Faire le module load correspondant

- Regarder l'aide des outils :

```
esearch -h
```

```
efetch -h
```

- Que va faire la commande suivante ? :

```
esearch -db nucleotide -query "Equus caballus voucher  
MG-HR-07 cytochrome oxidase subunit I" | efetch -db  
nucleotide -format fasta > COX1_Cheval.fasta
```

- Lancez-la.

Utilisation de la séquence récupérée de cox1 pour la blaster sur le génome du cheval

- Vérifiez que le fichier COX1_Cheval.fasta ai bien été créé et contienne bien ce que nous souhaitons.
- Cherchons le nom de la banque blast contenant le génome entier du cheval
 - `ls /bank/blastdb`
- Laquelle doit-on choisir ?
- Cherchons le module load à faire pour faire un blast. Prenons la dernière version installée. Faisons le module load correspondant.

Construire et lancer la commande blast

- Afficher l'aide de blastn
 - Blastn --help
- Faire un blastn de la séquence récupérée contre le génome du cheval
 - `blastn -query COX1_Cheval.fasta -db ensembl_equus_caballus_genome -out KC693991.1_equus`
- Regardez la sortie du blast
- Qu'en concluez-vous ?
- Sortez du nœud pour revenir sur le nœud maître