

AgCipher: The CAB's HPC server

ขณะนี้ ศูนย์เทคโนโลยีชีวภาพเกษตรได้ทำการติดตั้งเครื่องคอมพิวเตอร์แม่ข่าย (server) ยี่ห้อ Dell รุ่น R930 ทำงานบนระบบปฏิบัติการ Linux CentOS 7 เพื่อบริการงานวิจัยด้าน Bioinformatics analysis โดยตัวเครื่อง server ได้ทำการติดตั้งโปรแกรมการวิเคราะห์ข้อมูลพื้นฐานและโปรแกรมวิเคราะห์ข้อมูล Next Generation Sequencing รวมทั้งได้ติดตั้ง Rstudio-server เพื่อการใช้บริการ R programming บน server ได้ทันที ทั้งนี้ทางผู้ใช้ สามารถติดต่อผู้ดูแลระบบเพื่อติดตั้งโปรแกรมเฉพาะเพื่อวิเคราะห์ผลในงานวิจัยเฉพาะด้านเช่นกัน

Specification:

- หน่วยประมวลผลกลาง Intel Xeon E7-8880 v3 2.3GHz จำนวน 4 ตัว
ประสิทธิภาพรวม 72 computing cores
- หน่วยความจำหลัก ความจุรวม 1.24 TB
- Hard disk เบื้องต้นเปิดให้บริการพื้นที่ 500GB ต่อ 1 user
- ระบบป้องกันการสูญหายของข้อมูลด้วย RAID Controller 6

ผู้สนใจติดต่อขอรับ account หรือสอบถามข้อมูลการใช้เพิ่มเติมได้ที่ ภูมิพัฒน์ ทองอยู่

kpspto@ku.ac.th

ห้อง A323 สายใน 311

รายชื่อโปรแกรมที่ติดตั้งในระบบ

Package Name	Version	Summary
augustus	2.5.5	Gene prediction program for eukaryotes.
bamtools	2.2.3	Both a programmer's API and an end-user's toolkit for handling BAM files.
bcftools	0.1.19	Tools for data in the VCF/BCF formats
beagle	4.1	genotype calling, genotype phasing, imputation of ungenotyped markers, and identity-by-descent segment detection
BEDOPS	2.4.19	fast, highly scalable and easily-parallelizable genome analysis toolkit
BEDTools	2.17.0	A flexible suite of utilities for comparing genomic features.
bioperl		
BWA	0.7.12	Burrows-Wheeler Aligner for short reads
CD-HIT	4.6	A fast program for clustering and comparing large sets of protein or nucleotide sequences
clustalw	2.1	Multiple alignment of nucleic acid and protein sequences.
fastqc	0.10.1	A quality control tool for high throughput sequence data
hmmer	3.1	Search sequence databases for homologs of protein sequences, and make protein sequence alignments.
oases	0.2.08	De novo transcriptome assembler for very short reads
picard	1.79	Java utilities and library to manipulate SAM files.
primer3	2.2.3	Program for designing Polymerase Chain Reaction (PCR) primers.
prodigal	2.6	Prokaryotic Gene Prediction Program.
samtools	0.1.19	Sam/Bam utilities
Sickle	0.6	Windowed Adaptive Trimming for fastq files using quality
snap-gene-finder	0	Gene finder suitable for both eukaryotic and prokaryotic genomes.
tassel5	5.0.2	Trait Analysis by aSSociation, Evolution and Linkage
tRNAscan-SE	1.3.1	An improved tool for transfer RNA detection.
vcftools	0.1.9	Tools for working with VCF files, such as those generated by the 1000 Genomes Project.