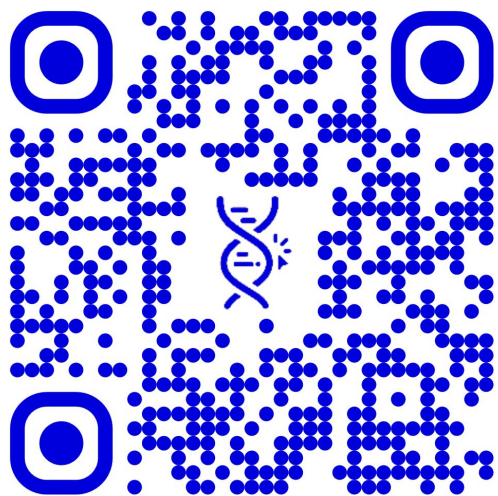


Príležitosti a výzvy využívania služieb MetaCentra z pohľadu novovzniknutej výskumnej skupiny

Tomáš Pavlík, Monika Čechová



**Výskumná skupina
sekvenčnej bioinformatiky
a genomiky**



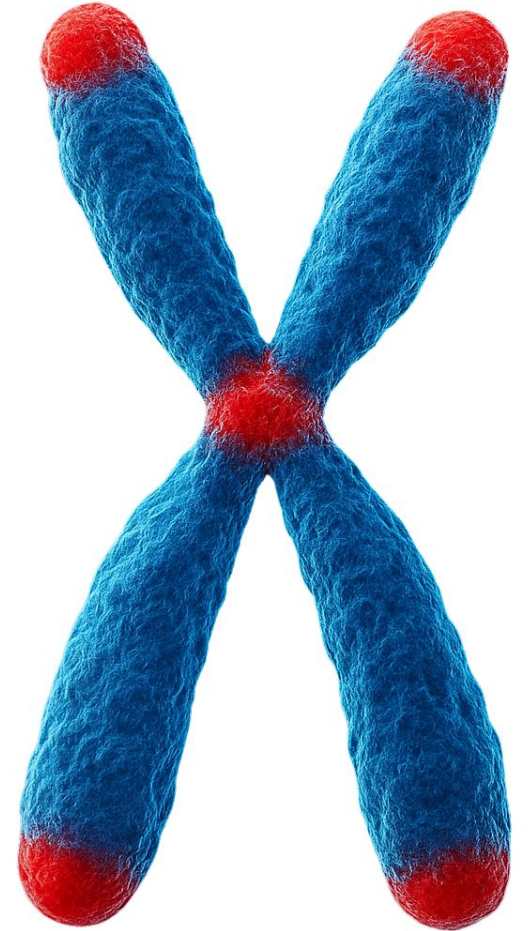
Výskumná skupina sekvenčnej bioinformatiky a genomiky

Analýzy pomocou najnovších sekvenačných technológií

Skladanie úplných genómov

Anotácia a pochopenie komplexnej DNA

... pre vývoj metód personalizovanej medicíny



Výskumná skupina sekvenčnej bioinformatiky a genomiky



UNIVERSITY OF CALIFORNIA
SANTA CRUZ



PennState®

Výskumná skupina sekvenčnej bioinformatiky a genomiky

Article | Published: 23 August 2023

The complete sequence of a human Y chromosome

[Arang Rhie](#), [Sergey Nurk](#), [Monika Cechova](#), ... [Adam M. Phillippy](#) ✉ [+ Show authors](#)

[Nature](#) **621**, 344–354 (2023) | [Cite this article](#)

58k Accesses | **322** Citations | **3321** Altmetric | [Metrics](#)

Article | [Open access](#) | Published: 29 May 2024

The complete sequence and comparative analysis of ape sex chromosomes

[Kateryna D. Makova](#) ✉, [Daniel E. Cook](#), ... [Adam M. Phillippy](#) ✉ [+ Show authors](#)

[Nature](#) **630**, 401–411 (2024) | [Cite this article](#)

61k Accesses | **88** Citations | **405** Altmetric | [Metrics](#)

pqsfinder web: G-quadruplex prediction using optimized pqsfinder algorithm ^{FREE}

[Dominika Labudová](#), [Jiří Hon](#), [Matej Lexa](#) ✉

Bioinformatics, Volume 36, Issue 8, April 2020, Pages 2584–2586, <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btz928>

Published: 12 December 2019 **Article history** ▼

Review Article | [Open Access](#) |  

Factors determining chromosomal localization of transposable elements in plants

[E. Kejnovsky](#) ✉, [P. Jedlicka](#), [M. Lexa](#), [Z. Kubat](#) ✉

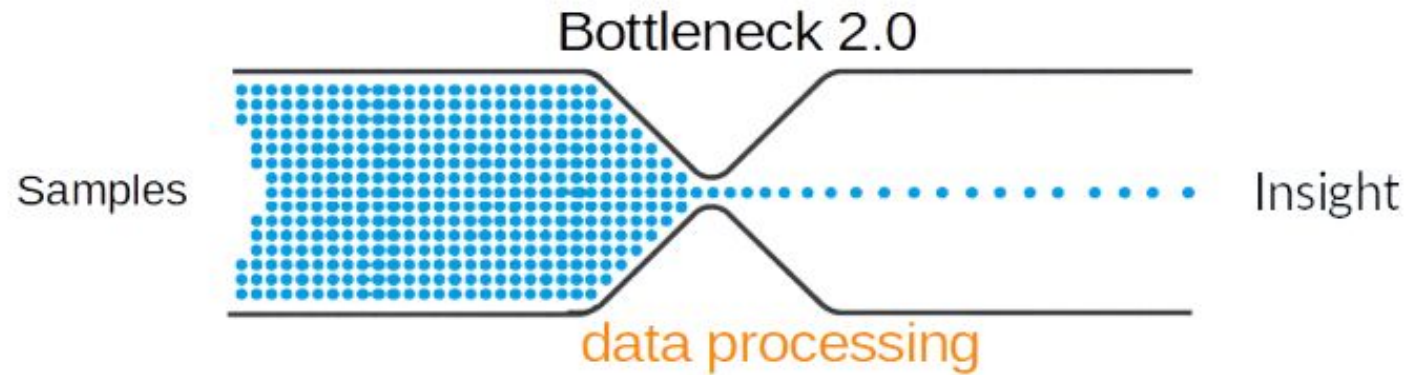
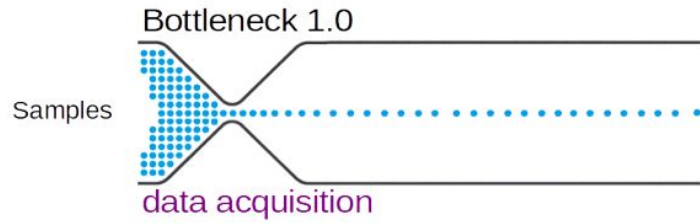
First published: 29 May 2025 | <https://doi.org/10.1111/plb.70057> |

Výzvy výskumu v sekvenčnej bioinformatike

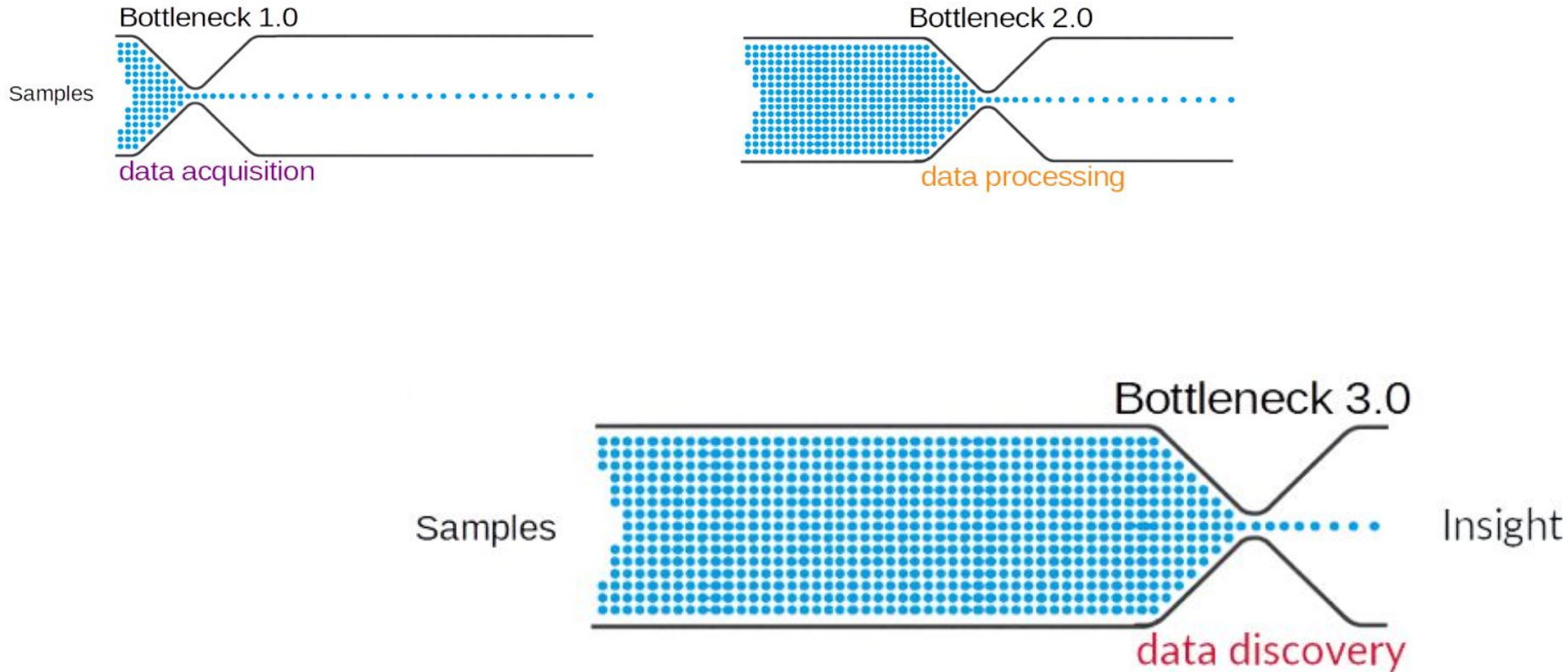
Výzvy výskumu v sekvenčnej bioinformatike



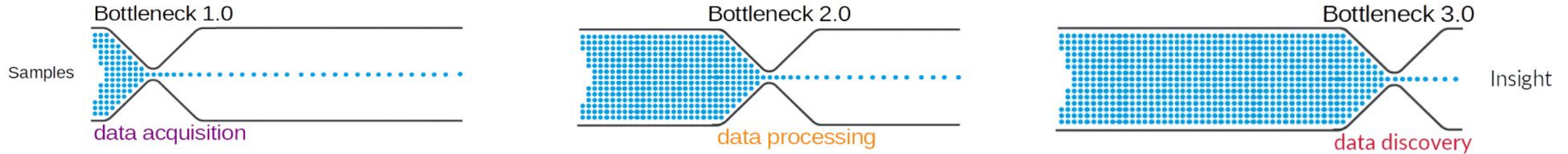
Výzvy výskumu v sekvenčnej bioinformatike



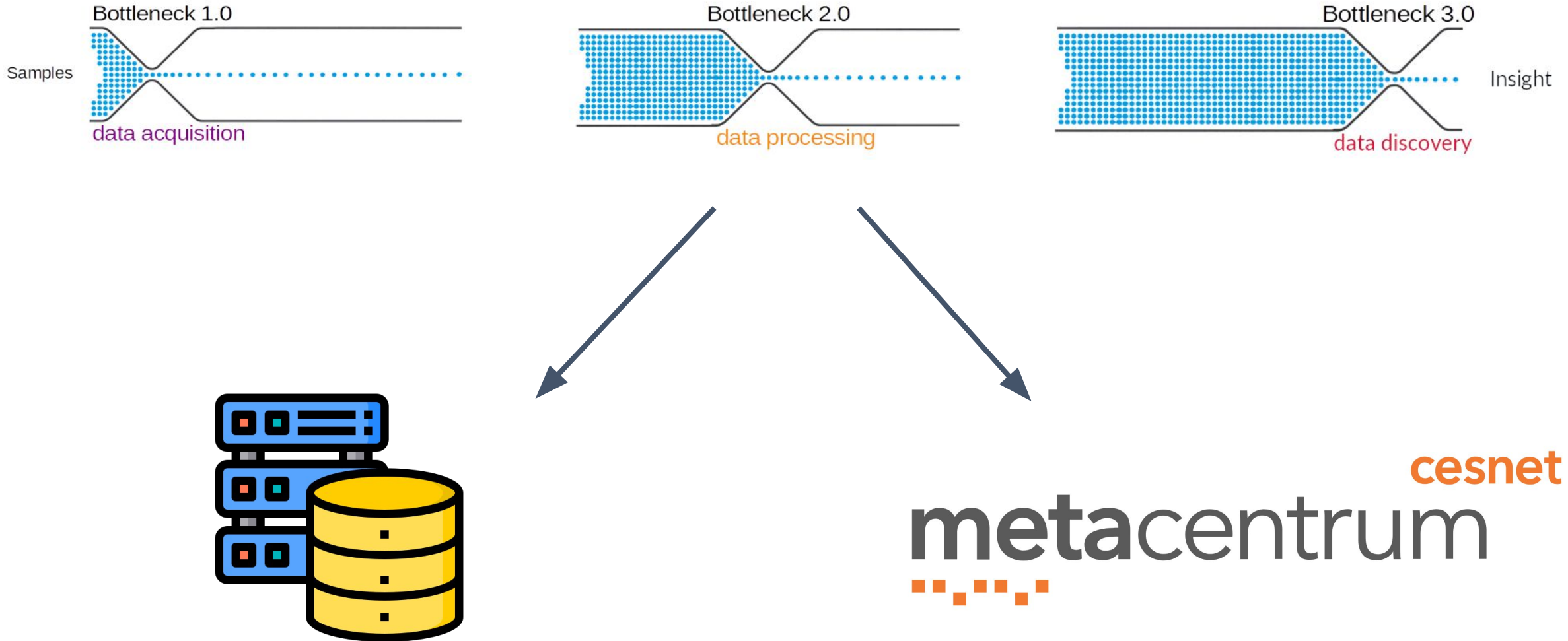
Výzvy výskumu v sekvenčnej bioinformatike



Výzvy výskumu v sekvenčnej bioinformatike



Výzvy výskumu v sekvenčnej bioinformatike



**Národní výpočtová infrastruktúra:
často nevyužitá příležitost**

Bioinformatický výskum je výpočtovo náročný

Porovnanie štandardných a hyper basecalling modelov pre skladanie komplexných regiónov DNA

- 56 CPU, 256 GB RAM
- 316 CPU dní

Analýza dĺžok telomér na veľkom populačnom datasete

- 10 paralelných inštancií: 96 CPU, 512 GB RAM
- 13.9 CPU rokov

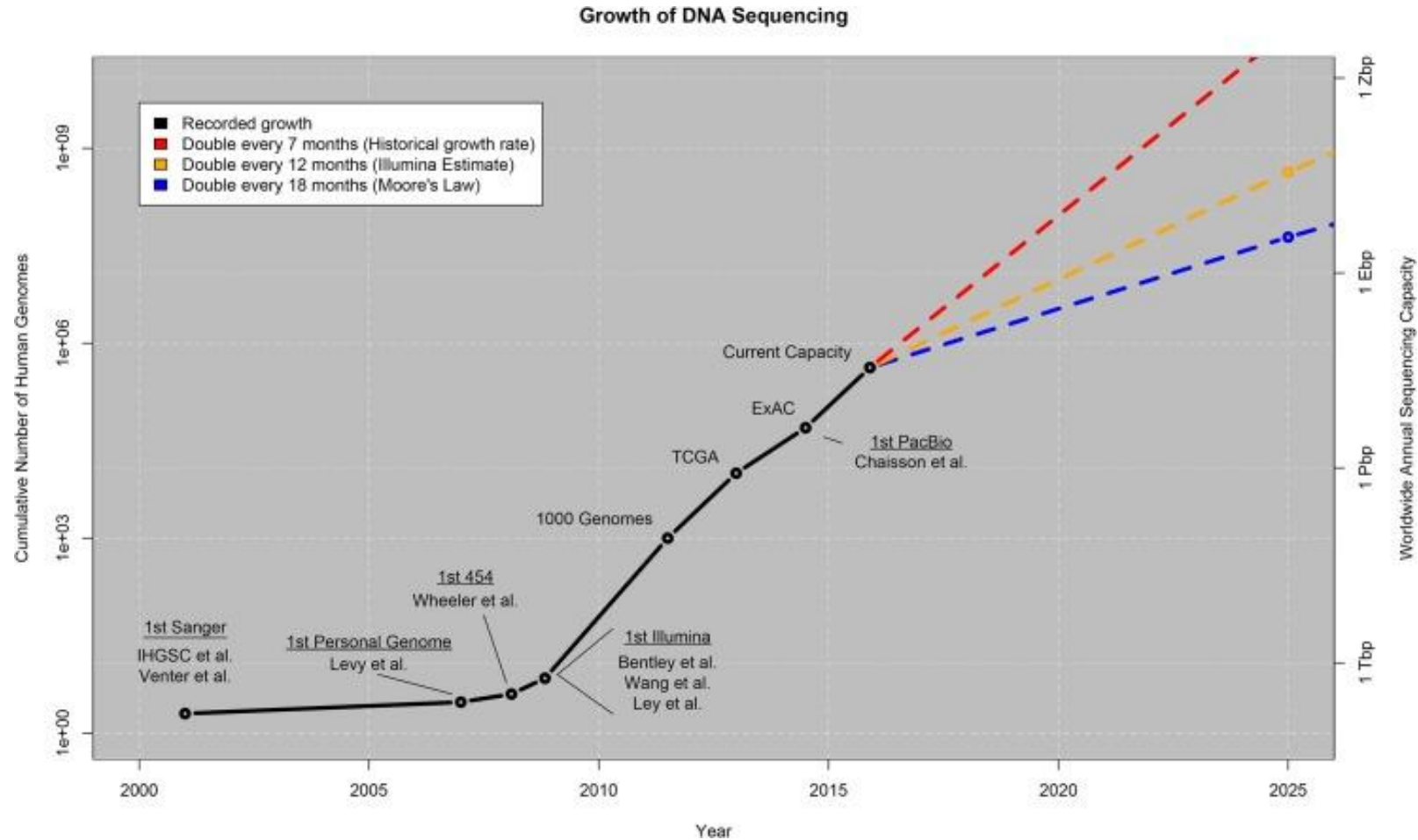
Bioinformatický výskum je dátovo náročný

Prebiehajúci výskum

- vyhradené 60 TB úložisko
- aktuálne cez 30.67 TB dát

Dlhodobé úložiská / Open science

Bioinformatický výskum je dátovo náročný



Stephens, Z. D. et al. (2015). Big data: astronomical or genomical? PLoS Biology, 13(7), e1002195. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1002195>

Výzvy pri využívaní služieb MetaCentra

Náročný štart pre neskúsených užívateľov

MetaCentrum Docs

Welcome to the MetaCentrum grid computing service documentation.

- To access this service, please refer to the [How to get an account](#) section.
- To see an overview of the grid's infrastructure, go to the [Basic concepts](#) page.
- Basic guidelines for running jobs are described in [Userguide on running jobs](#).
- For information on the rules for working with data, see the [How to work with data](#) chapter.
- A list of the most commonly used software available in MetaCentrum can be found in the [Software](#) section.
- Contact [user support](#) with any enquiries.
- If you notice any errors in this documentation or if anything is missing, please open an issue or help us fix it in our [GitHub repository](#).

≡ On this page

No Headings



Náročný štart pre neskúsených užívateľov

Skúsení užívatelia

- kvalitná dokumentácia
- rýchla podpora

⇒ dokážu využívať
MetaCentrum efektívne

Náročný štart pre neskúsených užívateľov

Skúsení užívatelia

- kvalitná dokumentácia
- rýchla podpora

⇒ dokážu využívať
MetaCentrum efektívne

Noví užívatelia

- často bakalárski študenti
- bez skúseností s linuxom

⇒ preferujú výpočet na vlastnom
počítači

Náročný štart pre neskúsených užívateľov

Skúsení užívatelia

**komplexné využitie prostriedkov
MetaCentra**

Noví užívatelia

jednoduché úlohy (“spustiť program”)

Náročný štart pre neskúsených užívateľov

Skúsení užívatelia

komplexné využitie prostriedkov
MetaCentra

Noví užívatelia

jednoduché úlohy (“spustiť program”)

onboarding mini-seminár
interaktívny “playground” / demo

Dostupnosť najnovšieho softvéru

Potreba najnovšieho softvéru

- rapídny vývoj sekvenačných technológií a možností ich spracovania

Dostupnosť najnovšieho softvéru

Potreba najnovšieho softvéru

- rapídny vývoj sekvenačných technológií a možností ich spracovania

Množstvo zdrojov a ich šikovné využitie

- moduly, kontajnery, nástroje na správu softvérových balíkov...

Zhrnutie

Narastajúce výpočetné a dátové nároky výskumu

Spolupráca s národnými organizáciami

Pomoc novým výskumným skupinám

Príležitosti a výzvy využívania služieb MetaCentra z pohľadu novovzniknutej výskumnej skupiny

Tomáš Pavlík, Monika Čechová