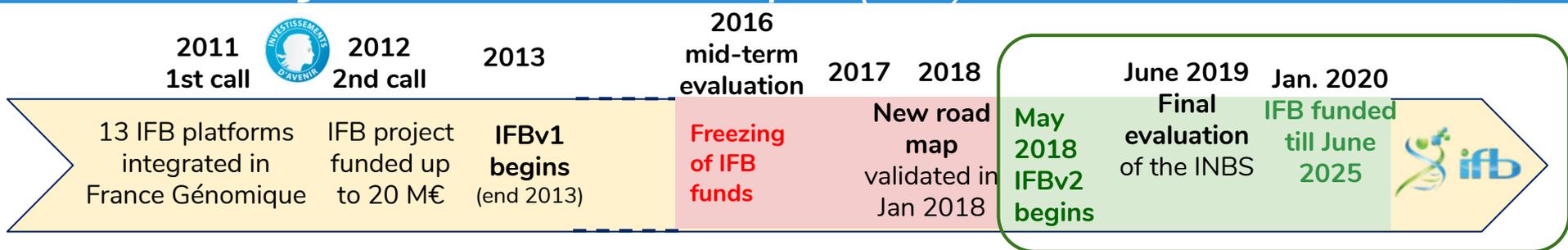


L'IFB et ses services pour l'analyse des données des sciences de la vie et de la santé – Implications de l'IFB dans EOSC

*Claudine Médigue (co-direction de l'IFB avec Jacques van Helden)
Christophe Blanchet (co-responsable offre de service "Cloud" de l'IFB)*



- **31 plateformes de services** en bioinformatique
+ plateforme coordinatrice **IFB-core**
 - ❑ Diversité de l'offre de service
 - ❑ PFs à proximité des laboratoires de recherche
 - ❑ 400 personnes, 200 ETP

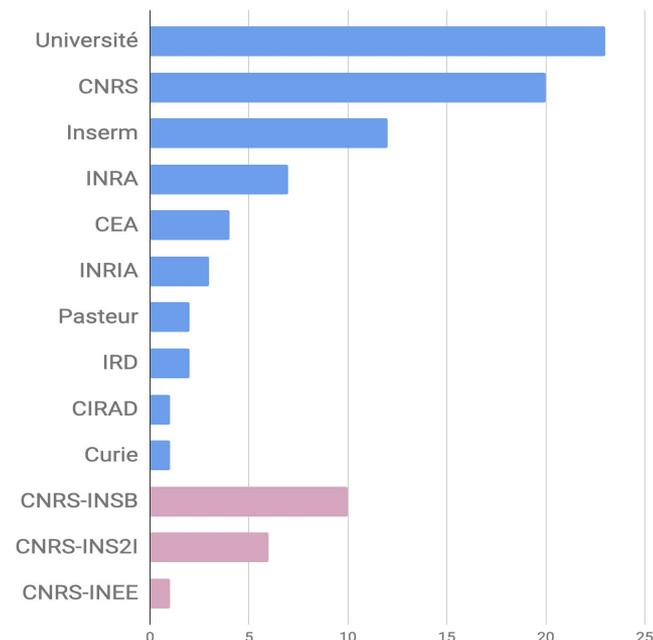
■ Tutelles

- ❑ **IFB-core** (UMS 3601): CNRS, INRAe, Inserm, CEA, INRIA
- ❑ **+ tutelles plateformes:** Universités, Pasteur, IRD, CIRAD, Curie, IGR.

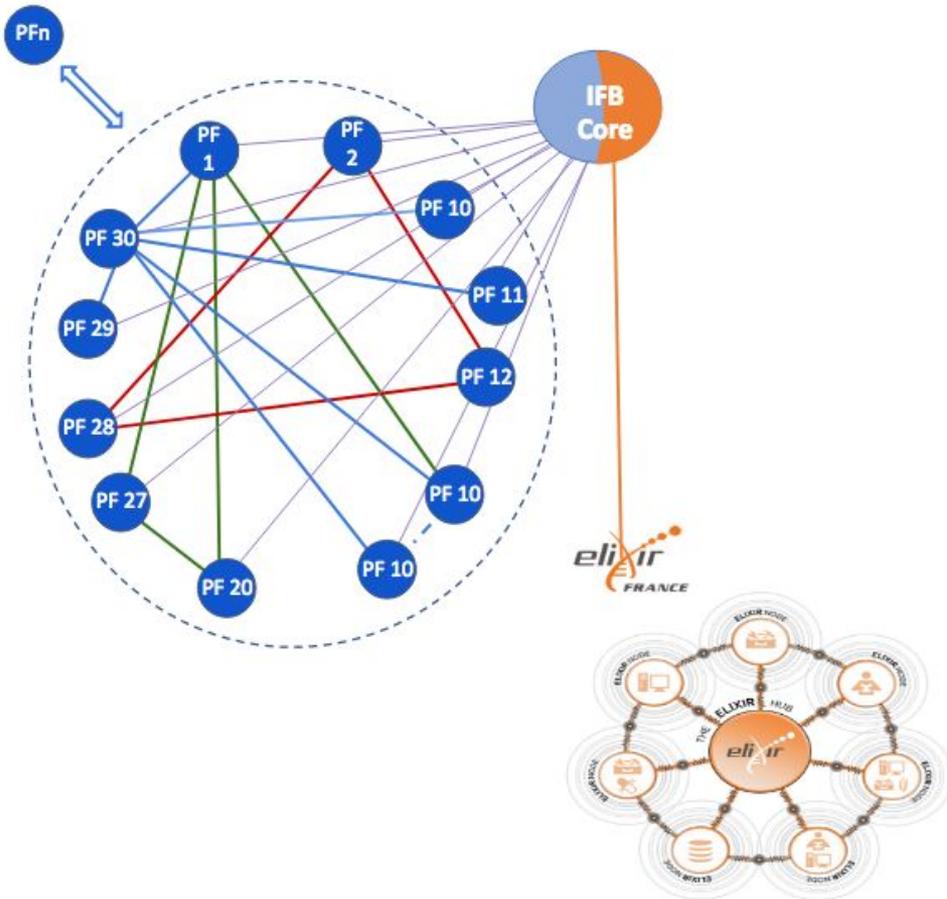
■ Couverture, expertise et applications

- ❑ tous les **domaines de la bioinformatique**
- ❑ tous les **domaines du vivant** (biologie fondamentale, médecine, agronomie, environnement, biotechnologies)

Tutelles des plateformes IFB



Mode de fonctionnement de l'IFB

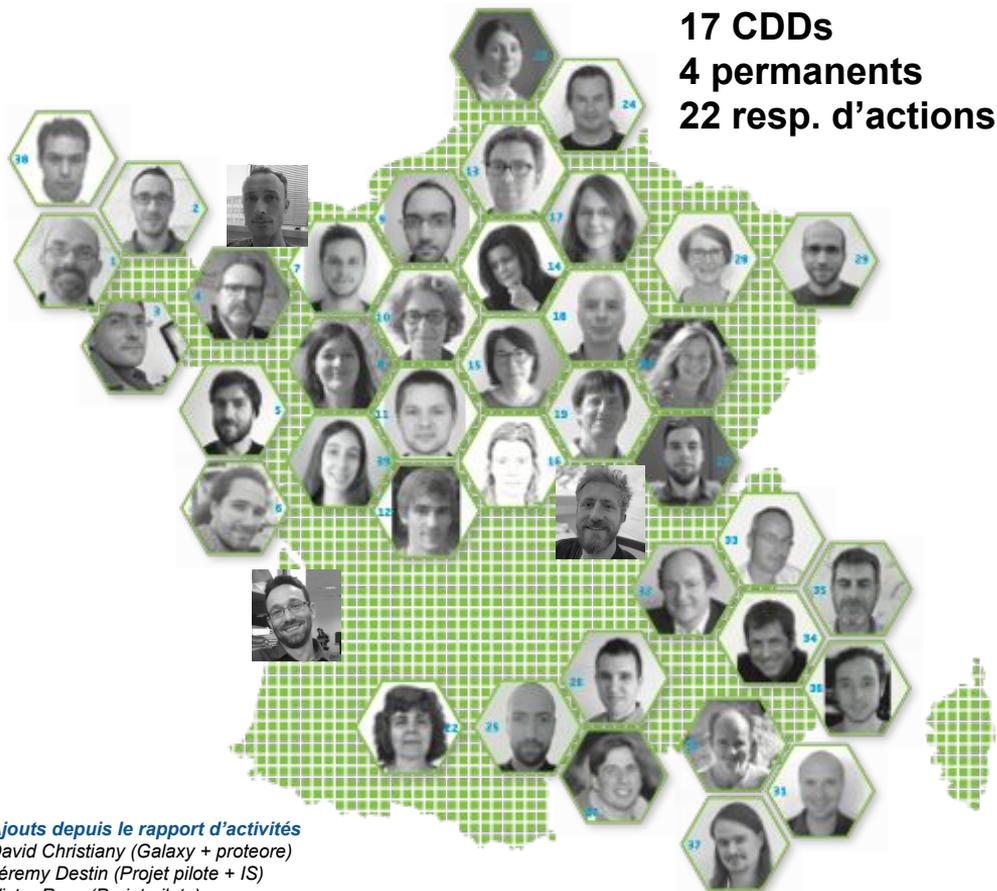


Un réseau de plateformes régionales

- Les PFs interagissent en fonction de thématiques biologiques ou expertises bioinformatiques (arêtes en couleurs).
- IFB-core interagit directement avec toutes les plateformes.
 - Déploiement du service national.
 - Coordination des activités communes.
- Les services et les ressources humaines réparties sur le territoire.
 - Réseau national de ressources informatiques (NNCR)
 - Chaque CDD IFB-core exerce ses missions au sein de la PF la plus adéquate.

Noeud français du réseau européen ELIXIR
(<https://www.elixir-europe.org/>).

Coordination des WPs et actions et staff IFB core



17 CDDs
4 permanents
22 resp. d'actions

Ajouts depuis le rapport d'activités

David Christiany (Galaxy + proteore)

Jérémy Destin (Projet pilote + IS)

Victor Reys (Projet pilote)

Olivier Salou (CesGo, task force, containers, ...)

David Benaben (task force)

Olivier Inizan (task force)

WP1. National network of services in bioinformatics (NNCR)

Christophe Blanchet³⁵ & Jacques van Helden³⁰

Physical infrastructure: compute and storage

Julien Seiler²⁹ & Christophe Blanchet²⁵

Software and data environment

Gildas Le Corguillé² & Olivier Collin⁴

Support to Databases

Claudine Médigue²⁰ & Guy Pemièrè³²

Catalogue of French resources in bioinformatics

Jacques van Helden³⁰ & Hervé Ménager¹³

Access to end-users

Christine Gaspin²² & Erwan Corre¹

Shared services with other national infra

Christophe Bruley³⁴ & Jean-François Dufayard²⁵

Consulting and orientation desk

Vincent Lefort²⁶ & Ivan Moszer¹⁸

WP2. Innovation: towards integrative bioinformatics

Claudine Médigue²² & Olivier Sand²⁴

Pilot projects in integrative bioinformatics

Claudine Médigue²⁰ & Etienne Thévenot¹⁹

& Olivier Sand²⁴

Call for challenges and unlocking of technological and scientific barriers

Ivan Moszer¹⁸ & Jacques van Helden³⁰

Catalysing interoperability and integration between resources

Alban Gaignard⁵ & Marie-Dominique Devignes²⁸

WP3. Links with international networks and industry

Anne-Françoise Adam-Blondon²⁰

& Claudine Médigue²⁰

IFB as the French node of the European ELIXIR network

Anne-Françoise Adam-Blondon²⁰

& Claudine Médigue²⁰

Partnership with industries

Patrick Durand³ & Yves Vandenbrouck²³

& Victoria Dominguez Del Angel²⁴

WP4. Training and outreach

Jacques van Helden³⁰ & Morgane Thomas-Chollier¹⁷

Training

Jacques van Helden³⁰ & Hélène Chiappella¹⁵

Joint actions with SFBI and GDR BIM

Morgane Thomas-Chollier¹⁷ & Hélène Touzet²³

Communication & Valorisation

Claudine Médigue²⁰ & Victoria Dominguez Del Angel²⁴

WP5. Management and governance

Claudine Médigue²⁰ & Jacques van Helden³⁰

Governance and coordination bodies

Claudine Médigue²⁰ & Jacques van Helden³⁰

Quality management system

Claudine Médigue²⁰

IFB Economic model

Christine Gaspin²²

Communities

Bioinformatics for health

David Salgado²¹ & Ivan Moszer¹⁸

IFB-core staff 2018-2019

Laurent Bourl (Catalogue + Web)⁹

Mélanie Buy (Pilot-projects)⁸

Etienne Camenen (Pilot-projects)¹²

Nicole Charrière (NNCR)¹⁶

Victoria Dominguez Del Angel (ELIXIR, Industry, Comm.)²⁴

Maxime Folschette (Pilot-projects)⁸

Jonathan Lorenzo (NNCR)³⁵

Olivier Merzeau (Communication)⁷

Sylvain Milanese (Consulting and orientation desk)²⁷

Guillaume Postic (Pilot-projects)¹¹

Valentin Saint-Léger (Admin & management)²¹

Alyssa Imbert (Pilot projects)³⁹

Yusra Mahmah (Training)

Kirsley Chennen (Pilot projects)

Thomas Rosnet (Interoperability)³⁷

Francois Gerbes (NNCR cluster)³⁸

Paulette Lieby (Inter-infra mutualisation)

Calcul et stockage

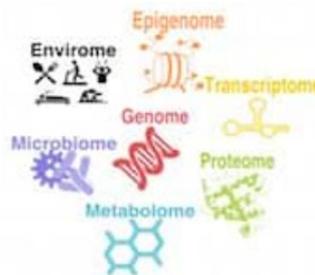
- National Network of Computing Resources (NNCR) : partage des pratiques et des ressources
- solutions hybride **cloud + cluster**
- politique de protection des données (GDPR)

Développement et déploiement logiciel

- **développement** de logiciels spécialisés
- **packaging** (conda)
- **virtualisation** (machines virtuelles, containers)
- **bonnes pratiques** d'ingénierie logicielle
- code **ouvert** et **collaboratif**

Accompagnement de projets

- de la conception aux livrables
- **plans de gestion des données (DMP)**
- conception de **workflows**
- **science des données**



Bioinformatique intégrative

- multi-omique, structure, imagerie, ...
- approches statistiques, réseaux multiplexes
- **8 projets pilotes** en **Bioinfo intégrative** rassemblant **17 INBS** => développement d'outils implémentant le I du **principe FAIR**

Guichet d'orientation

- un **point d'entrée unique** pour tous les services et plateformes IFB
- recueil des besoins, orientation vers la ou les PFs, et suivi des projets

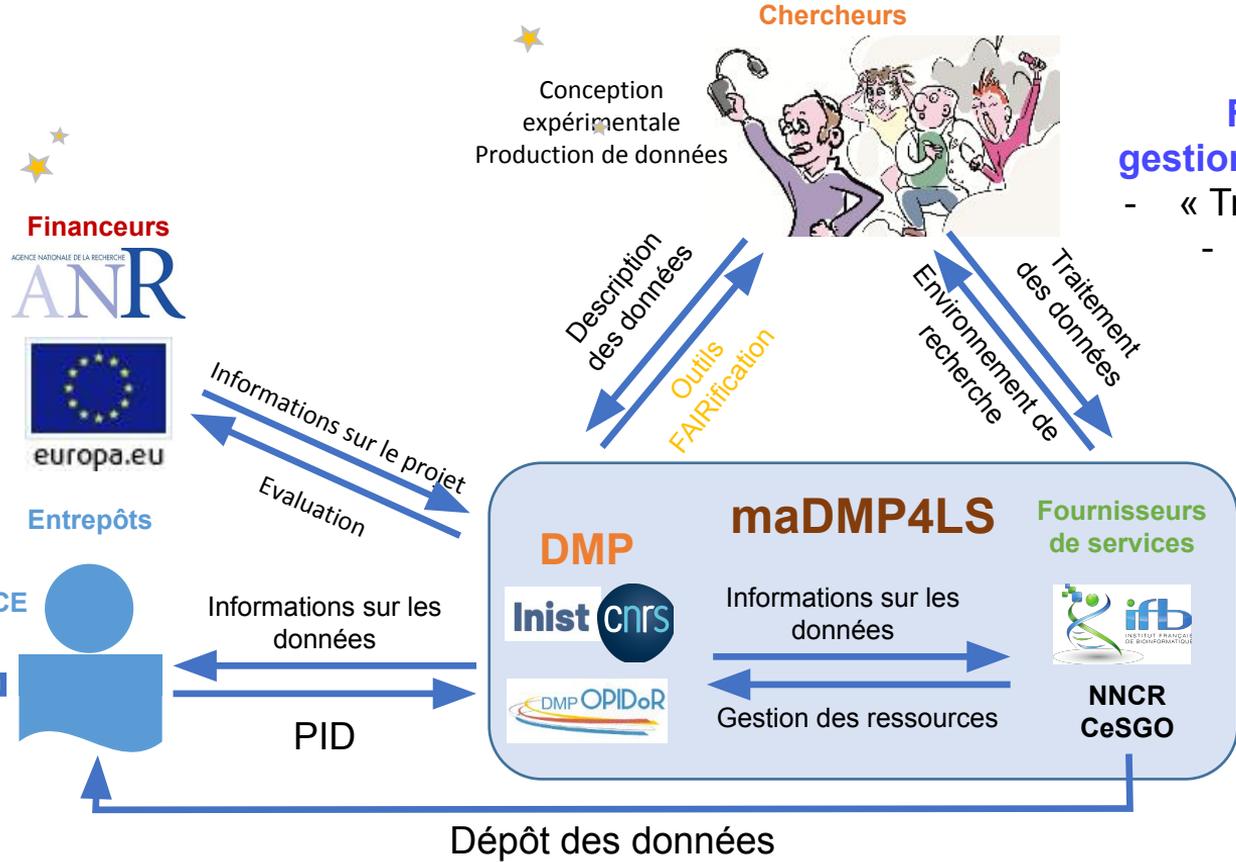
Formation

- écoles thématiques, Webinaires et MOOC
- tutorat "**Bring Your Own Data**" (BYOD)
- diplôme universitaire en Bioinformatique intégrative
- **adaptation à l'évolution de la demande**

Plan de Gestion de Données automatisable: projet ANR maDMP4LS

Document qui décline les éléments de la gouvernance de données FAIR du projet = **il accompagne le projet tout au long de son cycle de vie**

Projet maDMP4LS :
machine-actionnable
DMP for Life Sciences

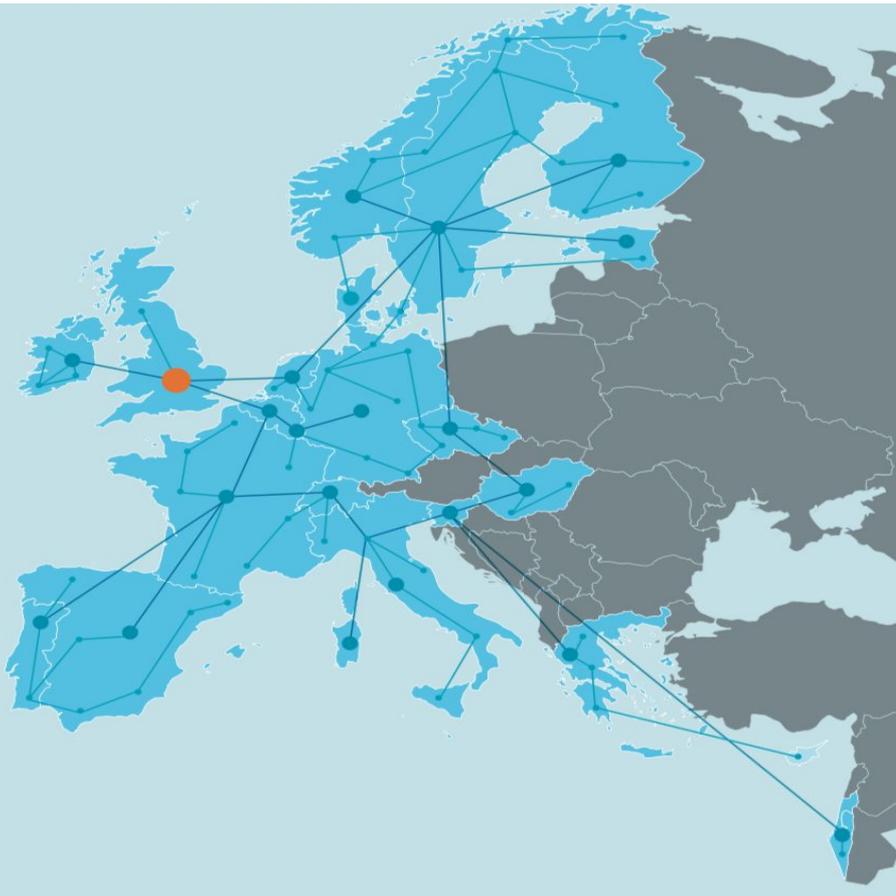


Action 2020:

Formations à la gestion des données:

- « Train the trainer »
- Les biologistes

- Stockage
- Calcul
- Conseil
- Analyse
- Formation FAIR
- FAIRification



=> infrastructure bioinformatique distribuée qui vise à offrir un **support à la recherche en science de la vie, environnement, santé, biotechnologies,...**

- <https://www.elixir-europe.org/>
- 23 nœuds (22 pays + EMBL-EBI)
- 200 instituts, >700 experts

- **Le Nœud Français est porté par l'IFB**
 - Contribution France: ~1M€/an
 - 2019-2023: la France est le 3ème financeur (après DE et UK)

Les plateformes ELIXIR: développements technologiques

- Les plateformes constituent l'offre de services d'ELIXIR



- données (bases de données)



- moyens de calcul et stockage



- outils (packaging, workflows)



- interopérabilité (standards, identification des objets à travers les plateformes, ontologies dans les domaines biologie-santé, ...)



- formations (des biologistes, des bioinformaticiens)

Platforms

ELIXIR's activities are divided into five areas called 'Platforms'. These are Data, Tools, Interoperability, Compute and Training. The Platforms are managed by Platform leaders and the work is carried out by groups within the Platforms.



Data Platform

Aims to identify key data resources across Europe and support the linkages between data and literature.



Tools Platform

Helps researchers find the best software tools to analyse their data.



Compute Platform

Develops services to make it easier to store, share and analyse large datasets.



Interoperability Platform

Develops and encourages the adoption of standards to describe life science data.



Training Platform

Helps scientists and developers find the training they need, and also provides that training.

Apports de l'infra européenne ELIXIR

(y compris ELIXIR-FR == IFB)

- Etablissement de **standards** (Bioschemas.org)
- **Portabilité** des outils (conda)
- **Workflows** (CWL, Galaxy)
- **Accessibilité** via interfaces conviviales (Galaxy)
- **Virtualisation** (docker, singularity)
- **Ontologies** (EDAM: types de données, formats, opérations, ...)
- **Catalogues**
(bio.tools, biocontainers)
- **Formations** à l'interopérabilité
- **Effet-levier** des formations
(train the trainer)



Activités “interopérabilité” de l'IFB

- **Catalogue des ressources françaises** en bioinformatique
 - **Ressources physiques des plateformes** (calcul et stockage)
 - Outils & Databases
 - Formations (événements + matériel)
 - Expertises
 - Organisations (plateformes, équipes de recherche)
- **Exposition** des ressources française via Bioschemas and schema.org
- Accessibilité aux usagers (GUI) et programmatique (API)
- Mesure “**FAIRness**” des outils en ligne

Data Science, Nov2019

Towards FAIR principles for research software

Article type: Position Paper

Authors: Lamprecht, Anna-Lena^a | Garcia, Leyla^b | Kuzak, Mateusz^{c,d} | Martinez, Carlos^e | Arcila, Ricardo^f | Martin Del Pico, Eva^g | Dominguez Del Angel, Victoria^h | van de Sandt, Stephanieⁱ | Ison, Jon^j | Martinez, Paula Andrea^k | McQuilton, Peter^l | Valencia, Alfonso^{m,n} | Harrow, Jennifer^o | Psomopoulos, Fotis^p | Gelpi, Josep LL^{q,r} | Chue Hong, Neit^{s,t} | Goble, Carole^u | Capella-Gutierrez, Salvador^{v,w}

Affiliations: [a] Utrecht University, The Netherlands. E-mail: a.l.lamprecht@uu.nl | [b] ZBMED Information Centre for Life Sciences, Germany. E-mail: ljgarcia@zbmed.de | [c] Netherlands eScience Center, The Netherlands | [d] Dutch Techcentre for Life Sciences, The Netherlands. E-mail: m.kuzak@sciencecenter.nl | [e] Netherlands eScience Center, The Netherlands. E-mail: c.martinez@sciencecenter.nl | [f] EMBL-EBI, UK. E-mail: arcila@ebi.ac.uk | [g] Barcelona Supercomputing Center (BSC), Spain. E-mail: eva.martin@bsc.es | [h] L'Institut Français de Bioinformatique (IFB), France. E-mail: victoria.dominguez@france-bioinformatique.fr | [i] CERN, Switzerland. E-mail: stephanie.van.de.sandt@cern.ch | [j] National Life Science Supercomputing Center, Technical University of Denmark, Denmark. E-mail: jison@cbs.dtu.dk | [k] National Imaging Facility, Australia. E-mail: p.martinez@uq.edu.au | [l] Oxford e-Research Centre, UK. E-mail: peter.mcquilton@oerc.ox.ac.uk | [m] Barcelona Supercomputing Center (BSC), Spain | [n] Institutió Catalana de Recerca i Estudis Avançats (ICREA), Spain. E-mail: alfonso.valencia@bsc.es | [o] ELIXIR Hub, UK. E-mail: harrow@certh.gr | [p] f.psom@certh.gr | [q] Barcelona, Spain. E-mail: g.ison@ed.ac.uk | [r] University of Edinburgh, UK. E-mail: carole.goble@marlab.ac.uk | [s] E-mail: carole.goble@marlab.ac.uk | [t] E-mail: salvador.capella@marlab.ac.uk

Correspondence: [*] Correspondence: [**] Correspondence

Keywords: FAIR, research software
DOI: 10.3233/DS-190026

Journal: Data Science, vol. 1
Received 16 August 2019

Get PDF

https://ifb-elixirfr.github.io/interop-wg/linked-data-webapp/fm_demo

Self-assessment interface using FAIRMetrics

Interoperability resources and guidelines for bioinformatics (in construction)

Self-assessment interface using FAIRMetrics

Home page

View on GitHub

<https://www.france-bioinformatique.fr>



Monitoring progress in FAIRification through self-assessment of resources maturity indicators

	FAIR for data	FAIR for software	Operation
F1	(Meta)data are assigned a globally unique and persistent identifier.	Software and its associated metadata have a global, unique and persistent identifier for each released version.	Rephrased
F2	Data are described with rich metadata.	Software is described with rich metadata.	Rephrased
F3	Metadata clearly and explicitly include the identifier of the data it describes.	Metadata clearly and explicitly include identifiers for all the versions of the software it describes.	Rephrased and extended
F4	(Meta)data are registered or indexed in a searchable resource.	Software and its associated metadata are included in a searchable software registry.	Rephrased

Outil d'évaluation des indicateurs de maturité FAIR (en cours)
=> Soumission d'une "démonstration" au All-Hands-On d'ELIXIR (Juin 2020)

ELIXIR-FR dans les communautés ELIXIR

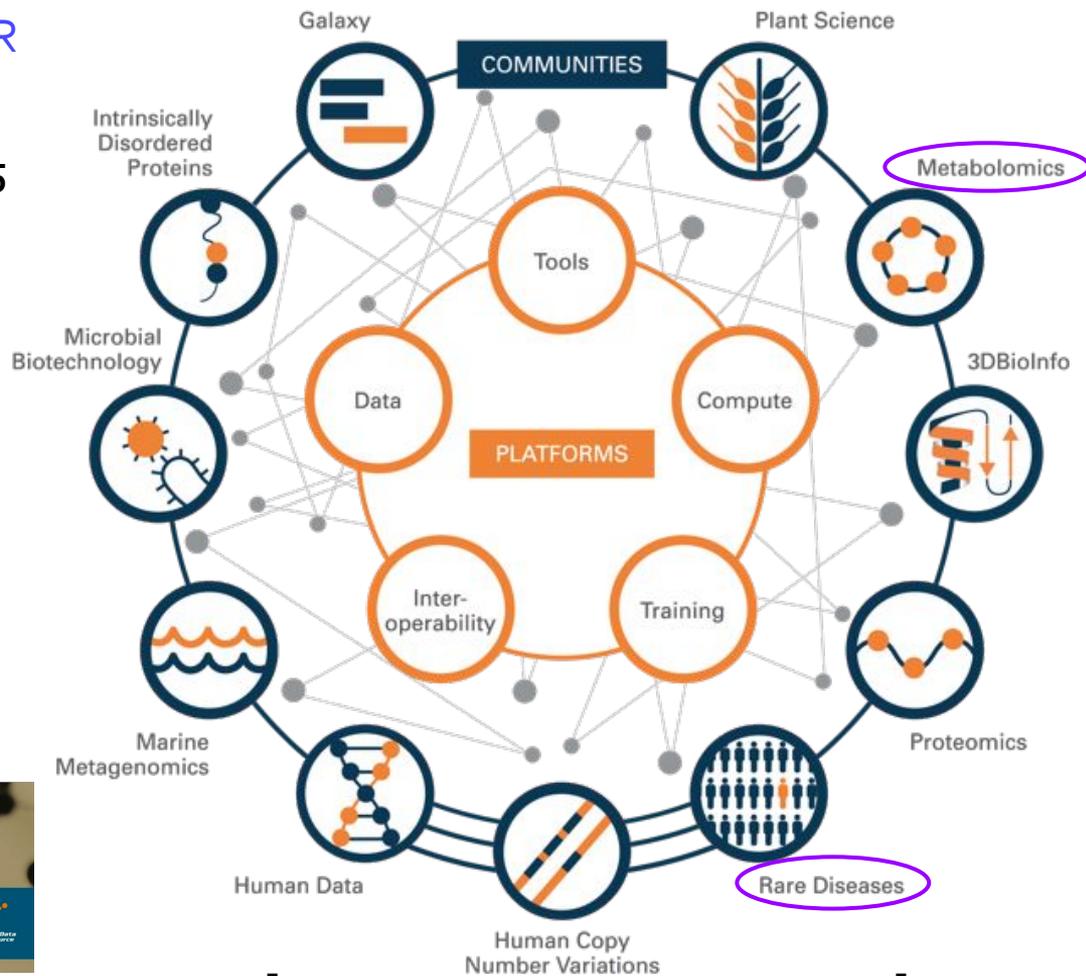
Communities are “use cases” for ELIXIR platforms in a specific field

ELIXIR-FR is leading (or co-leading) of 5 ELIXIR communities :

- Intrinsically disordered proteins
- Microbial Biotechnology
- Human copy Number Variations
- Plant Sciences
- Galaxy

ELIXIR-FR is an active participant to 4 ELIXIR communities :

- Marine Metagenomics
- Proteomics
- Metabolomics
- Rare Diseases



Current Implementation Networks

GO CHANGE	GO BUILD	GO TRAIN
	Ambassadors	
	ASTRON	
	BiodiFAIRse	
	Biodiversities	
	C2CAMP	
	Metabolomics	
	NOMAD	
	OPEDAS	
	Personal Health Train	
Rare Diseases		

=> choose, adopt, and tailor guidelines, standards, and tools to implement FAIR principles



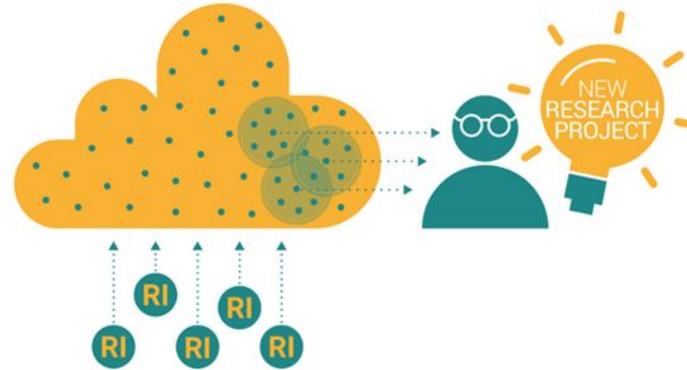
2019-2023 : coordonné par le hub d'ELIXIR

What is EOSC-Life?

EOSC-Life brings together the 13 Biological and Medical 'ESFRI' research infrastructures (BMS RIs) to create an open, digital and collaborative space for biological and medical research.

The project will publish 'FAIR' data and a catalogue of services provided by participating RIs for the management, storage and reuse of data in the European Open Science Cloud (EOSC).

This space will be accessible to European research communities.



Our Mission

EOSC-Life will make data resources from BMS RIs 'FAIR' and publish them in the EOSC following guidelines and standards. Overall, this will drive the evolution of the RI repository infrastructure for EOSC and integration of the BMS RI repositories.

EOSC-Life will implement workflows that cross disciplines and address the needs of interdisciplinary science. Through open hackathons and bring-your-own-data events we will co-create EOSC-Life with our user communities, providing a blueprint for how the EOSC supports wide-spread and excellent data-driven life science research.

EOSC-Life will address the data policies needed for human research data under GDPR. Interoperable provenance information will describe the history of the sample and data to ensure reproducibility and adherence to regulatory requirements.



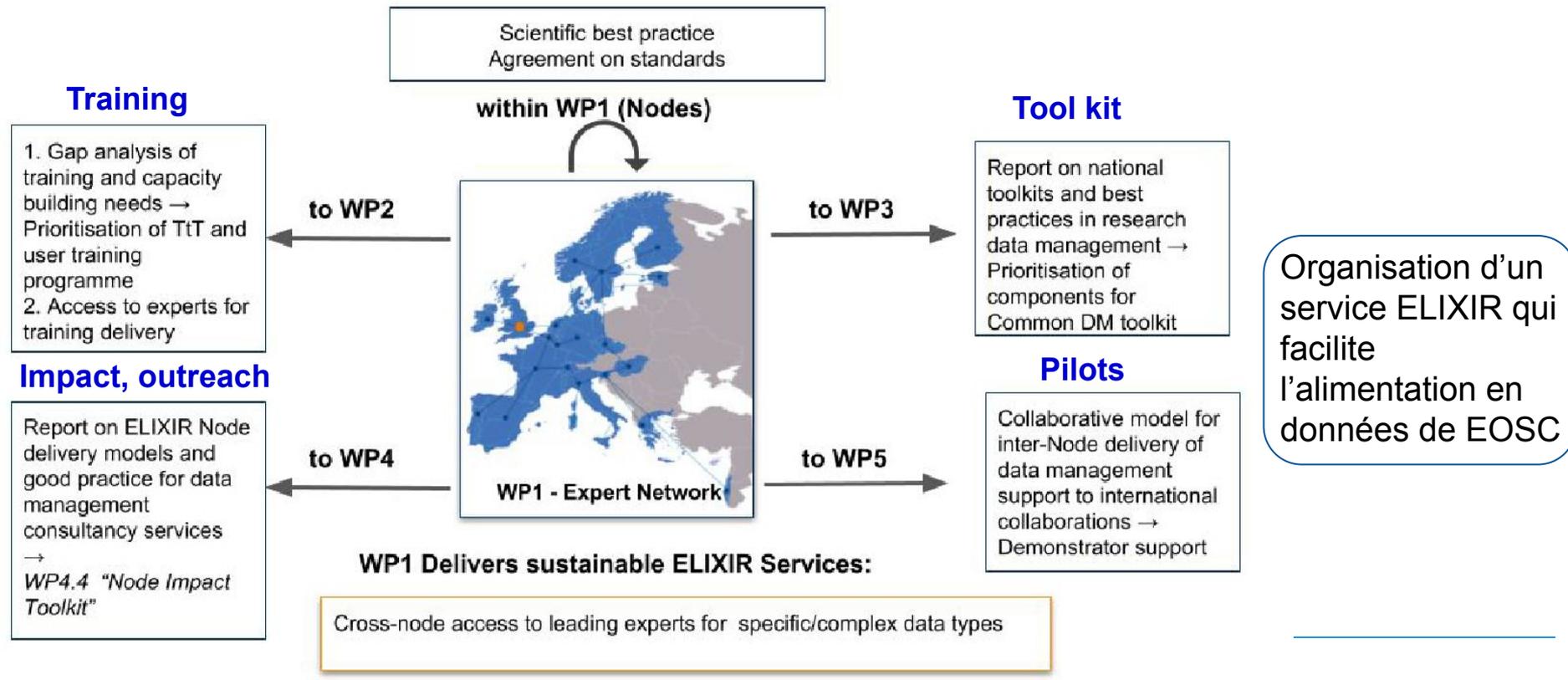
Données FAIR

Pipelines FAIR et intégrés au cloud

Alignement avec les réglementations



Development of an ELIXIR network of experts across the nodes for data management



EOSC-Pillar aims at coordinating national Open Science efforts across Austria, Belgium, France, Germany and Italy, and at ensuring their contribution and readiness for the implementation of the European Open Science Cloud (EOSC).



T6.6: Exploring reference data through existing computing services for the bioinformatics community

- Design the possible interoperations between already available Galaxy computing services and data repositories, serving the Elixir user community as a whole
- Objectives
 - Allow access to reference data from different Galaxy deployments for data analysis
 - Facilitate the deployment of Galaxy instances close to the data
 - Provide coherency between different existing Galaxy deployments
 - Ensure health data security requirements are met throughout the process
- Tasks and participation
 - T6.6.1 - Share and harmonize Galaxy deployment practices (INFN, **IFB**, IBIOM)
 - T6.6.2 - Facilitation of “Close to the data” computing (INFN, **IFB**, INSERM, IBIOM)
 - T6.6.3 - Data structure and formats (IBIOM, INSERM)
 - T6.6.4 - Health data security aspects (INFN, **IFB**, INSERM, IBIOM)
- Partners involved: **INSERM** (Task leader), **CNRS-IFB**, INFN, CNR-IBIOM

CeSGO propose un environnement intégré, combinant calcul et données, pour aider les scientifiques à travailler, des idées de projet à la publication, en passant par la production et la gestion des données.

Financé en partie par des fonds européens, par l'Etat et par la région Bretagne.

<https://www.cesgo.org>



Environnement distribué de services en bioinformatique

Une infrastructure hybride, reposant sur des plateformes **cluster** et **cloud**

Sites	Location	Compute (#CPU-HT)	Storage (#TB)	RAM (#GB)
ifb-core-cluster	Orsay (IDRIS)	4 300	400	20 008
ABiMS	Roscoff	1 928	2 500	10 600
GENOTOUL	Toulouse	6 192	4 096	34 400
GenOuest	Rennes	1 866	2 300	11 616
BiRD	Nantes	560	600	3 800
Migale	Jouy en Josas	1 016	350	7 000
Total clusters		15 862	10 246	87 424
ifb-core-cloud	Lyon (CC-IN2P3)	3 936	408	20 408
ifb-genouest-genostack	Rennes	600	350	2 600
ifb-prabi-girofle	Lyon	448	144	1 500
ifb-bird-stack	Nantes	512	50	448
ifb-bistro-iphc	Strasbourg	200	50	1024
ifb-bilille-thor	Lille	192		768
Total clouds		5 888	1 002	28 348



Fédération de clouds

- 6 sites en production
- Premiers clouds en 2011, fédération en place depuis Février 2017
- Technologies standards **cloud et edge computing** (VM et conteneurs), académiques et commerciaux (EOSC, Exoscale, OVH...)

Un compte unique pour tous les clouds

- Basé sur les identifiants officiels des utilisateurs dans leur organisme (fédérations nationale Renater et européenne eduGAIN)

Un portail unique - Biosphère - pour déployer les machines virtuelles sur tous les clouds

- Environnements modulables : 1-N VMs, 1-128 vCPU, jusqu'à 3 To RAM
- Documentation en ligne et helpdesk

Un catalogue d'appliances (34) prêtes à l'emploi



<https://biosphere.france-bioinformatique.fr>

Des environnements prêts-à-l'emploi

- Déploiement en 1 clic
- 1 à N machines virtuelles, multi-cloud
- Interfaces usuelles: SSH, HTTP, Desktop
- Définie par les développeurs
- Adaptables par les utilisateurs

Apps disponibles

- **Outils de base** : Conda, Pip, Docker, Ansible, Workflows, R/Rstudio, Shiny, Jupyter, ImageJ/Fiji, Cytoscape, Clusters.
- **Bioinformatique** : génomique, bioimagerie, chemins métaboliques, métabolomique, écologie microbienne, métagénomique, transcriptomique...

RAINBIO - APPLIANCES BIOINFORMATIQUES DANS LE CLOUD
Catalogue des appliances bioinformatiques dans le cloud, filtrez-les en utilisant les termes présents dans l'ontologie EDAM, ou en langage naturel.

App Store | Appliances | Outils | Topics

Appliance	Tools/Dependencies	Topics
Bacterial genomics (Insight)	BLAST+, HMMER, Inasy	Genome annotation, Genomics
BioPipes	bioconda, Docker, Docker Compose, Nextflow, S	Bioinformatics, Informatics
bistar	bioconda, bowtie2, FastQC, Snakemake	Bioinformatics, Informatics, Sequence alignment
CentOS	Ansible, bioconda, CentOS, Docker	Bioinformatics, Informatics
COURS ENS Lyon NGS 2018	BEDTools, BLAST+, Bowtie, bowtie2, Clustal Om	CHIP-seq, Data visualization, Genomics, Informatics
COURS LBBE-NGS	BLAST+, bowtie2, Cutadapt, FastQC, Matplotlib	Bioinformatics, Genomics, Informatics, Sequence
Debian 9	Ansible, bioconda, Docker	Bioinformatics, Informatics
EBAME 2018 - Marine Microbiome	MMseqs2, R, RStudio	Data architecture, analysis and design, Data visualization
EBAME 2018 - Metabolic Network	COBRAPy, Jupyter, Matplotlib	Data architecture, analysis and design, Data visualization
EBAME 2018 - Microbial Ecological Networks	Bioconductor, Jupyter, R	Bioinformatics, Data architecture, analysis and design
Galaxy stable	bioconda, Docker, Galaxy portal, Ubuntu	Bioinformatics, Comparative genomics, Functions
ImageJ-Fiji	Ansible, bioconda, Bureau virtuel, Docker, ImageJ	Bioinformatics, Imaging, Informatics
integron_finder	HMMER, Infernal, prodigal	Protein folds and structural domains, Sequence analysis
Jupyter Notebook	Jupyter, R	Data architecture, analysis and design, Data visualization
Maker	BLAST+, Exonerate, RepeatMasker	Functional genomics, Genome annotation, Genomics
PathoTRACK	Centrifuge, Diamond, FastQC, python, R, SortMe	Bioinformatics, Data visualization, Informatics, Metagenomics
Prokka	BLAST+, IGV - Integrative Genomics Viewer, prodigal	Genomics, Sequence analysis
RStudio	R, RStudio, Web interface	Data architecture, analysis and design, Data visualization
SGE compute cluster	SGE, Ubuntu	Informatics
SLURM compute cluster	Ubuntu	Informatics



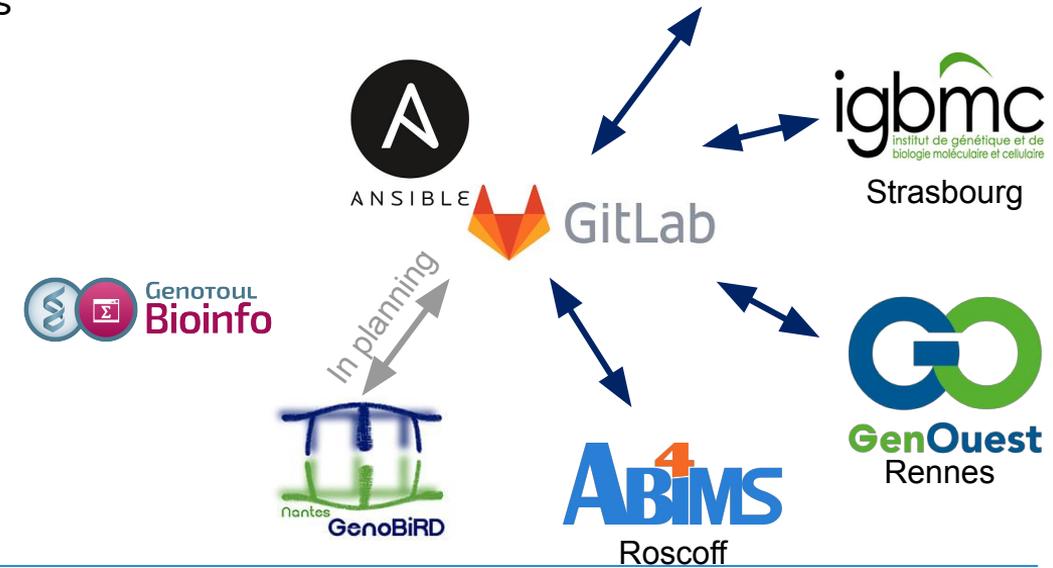
CONDA



- Un environnement logiciel adapté aux besoins des biologistes
 - ❑ **Outils bioinformatiques**, workflows et containers spécialisés
 - ❑ Mises à jour régulières des **bases de données spécialisées** nécessaires aux analyses
- **Réactivité à l'évolution très rapide des besoins et des pratiques**
 - ❑ Task Force, gestion mutualisée entre plateformes
 - ❑ Intégration continue : les usagers peuvent participer en toute sécurité au déploiement des outils (pull requests validées par la task force)
- **Déploiement des ressources bioinformatiques développés par la communauté française**
 - ❑ Exemple: usegalaxy.fr, service national qui fédère et donne de la visibilité des sous-domaines thématiques (workflow4metabolomics.usegalaxy.fr)
 - ❑ Important pour l'affichage international (e.g. [Service Delivery Plan ELIXIR](#))
- **Adéquation avec les cycles de vie des projets de recherche**
 - ❑ Ouverture de comptes et d'espaces projets au fil de l'eau (pas sur appel)
 - ❑ Comptes et espaces-projets persistants sur plusieurs années
 - ❑ Articulation des espaces-projets avec les DMP
- **Support communautaire** (community.cluster.france-bioinformatique.fr)
 - ❑ Capitalisation des réponses aux questions précédentes
 - ❑ Participation des usagers à la discussion des questions et solutions
 - ❑ Mobilisation large des expertises hétérogènes

A “federation” of clusters maintained by a mutualised task force

- Reducing the maintenance effort
 - Share admin developments
 - One place to install the same set of tools everywhere
- Sharing user experience across federated cluster
- Sharing admin expertise and practices



Pipeline Jobs 2

Deploy

- conda-env
- rstudio-packages
- ABiMSCluster-...
- IFBCoreCluster-...

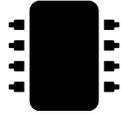
■ IFB - CNRS/INSB&INS2I (et ses autres tutelles)

- ❑ Membre d'ELIXIR et impliqué dans plusieurs projets en lien avec EOSC
 - EOSC-Life, EOSC-Pillar
 - GO-FAIR, ELIXIR-CONVERGE, maDMP4LS
- ❑ Feuille de route 2018-21 en accord avec EOSC
 - Cycle de vies données : DMP, FAIR...
 - Intégration des outils et pipelines (VMs, conteneurs...)
 - Infrastructure distribuée hybride cluster & cloud

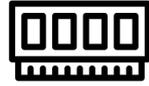
■ Risques / EOSC

- ❑ Adéquation avec les besoins des communautés des sciences de la vie ?
 - Données très hétérogènes, en mode fichier, nombreux sources
 - Nombreux outils et pipelines, intégration hétérogène...
- ❑ Infrastructure durable de stockage ?
- ❑ Modalités d'usage pour le traitement et l'analyse des données biologiques (VMs, conteneurs) ?
- ❑ Certification pour le traitement des données de santé (HDS) ?

Description and services



4300
CPU



20 TB
RAM



400 TB



Community
support



210 outils
RStudio

Maintained
since
November 2018



384 users



179
projects



2.3M
CPU hours



9
trainings