

# Initiation Slurm i-Trop cluster

[www.southgreen.fr](http://www.southgreen.fr)

<https://southgreenplatform.github.io/trainings>





Julie ORJUELA-  
BOUNIOL, IE  
Bioinformaticienne

Ndomassi TANDO, IE  
Ingénieur systèmes  
Animateur plateau, RMQ

Christine TRANCHANT-  
DUBREUIL, IR  
Bioinformaticienne



Aurore COMTE, IE  
Bioinformaticienne

Alexis DEREPPER, IE  
Bioinformaticien



Bruno GRANOULLAC, IE  
Systèmes d'information



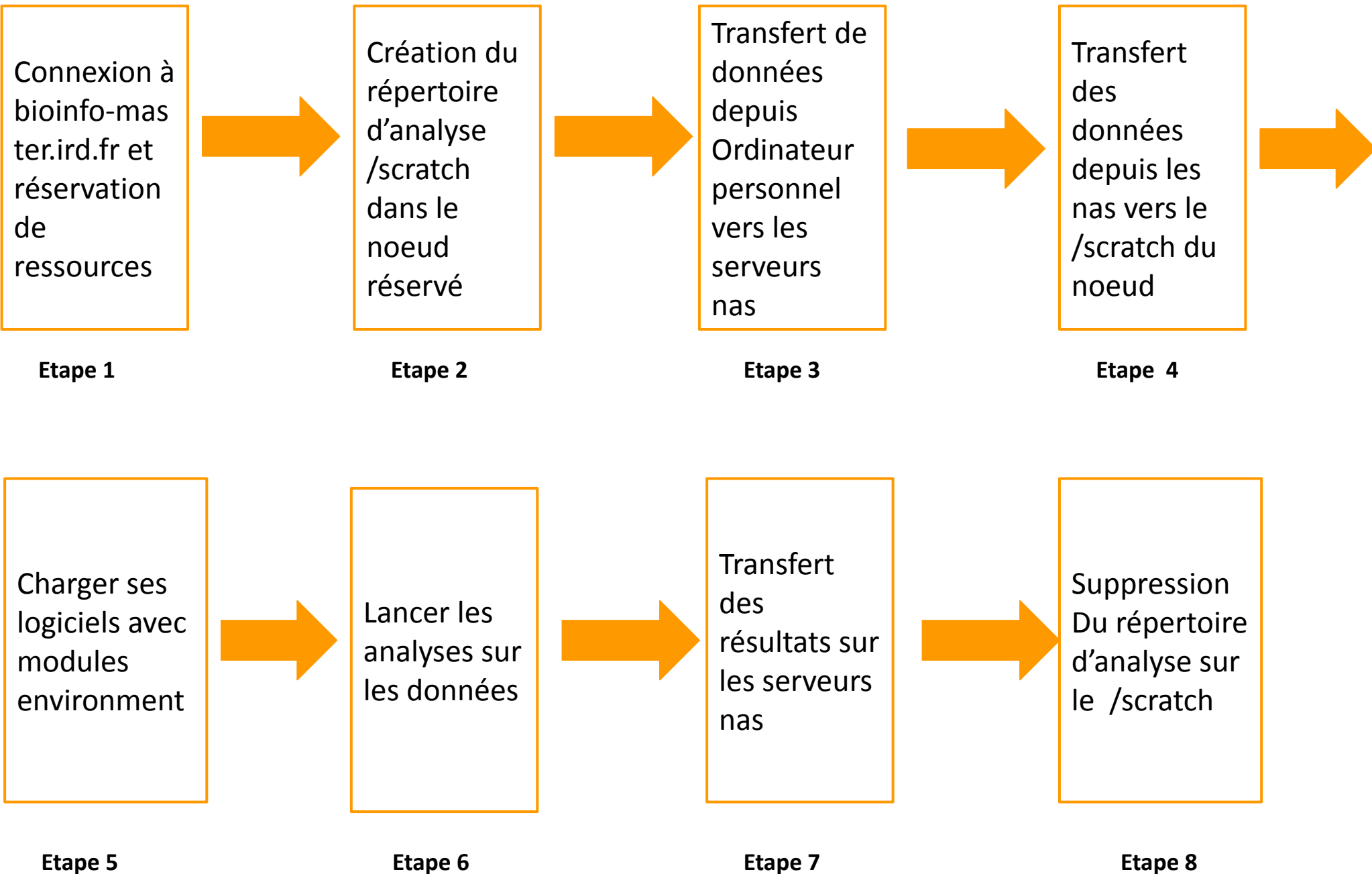
Jacques Dainat, IR  
Bioinformaticien



- Formulaires de demandes  
<https://itrop-glpi.ird.fr/plugins/formcreator/front/formlist.php>
  - Comptes
  - Installation logiciels
  - Projets
- Incidents: contacter [bioinfo@ird.fr](mailto:bioinfo@ird.fr)
- Howtos:  
<https://southgreenplatform.github.io/tutorials//cluster-itrop/hpchowto/>
- Tutorials Slurm:  
<https://southgreenplatform.github.io/tutorials//cluster-itrop/Slurm/>



# Etapes d'une analyse sur le cluster





# Practice

Etape 1 Et 2: Connexion, sinfo

1

*Aller sur les [Practice 1 Et 2](#) du github*

Partitions	Utilisation	Caractéristiques RAM noeuds	Caractéristiques coeurs noeuds
short	Jobs courts < 1 jour	48 à 64 Go	12 coeurs
normal	Jobs courts max 7 jours	64 Go à 96 Go	12 à 24 coeurs
long	45 jours >Jobs longs > 7 jours	48 Go	12 à 24 coeurs
highmem	Jobs avec besoin de plus de mémoire	144 Go à 256Go	12 à 24 coeurs
highmemplus	Jobs avec besoin de plus de mémoire	512Go	88 coeurs
highmemdell	Jobs avec besoin de plus de mémoire	512Go	112 coeurs
supermem	Jobs avec besoin de beaucoup de mémoire	1To	40 coeurs
gpu	Besoin d'analyses sur des gpus	192Go	24 cpus et 8 coeurs GPUs

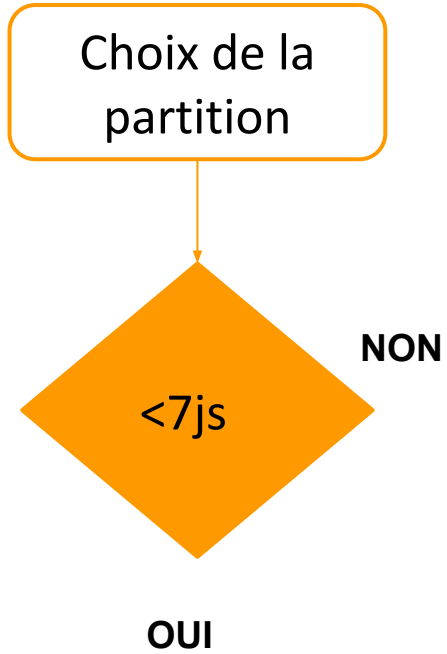
\*Demande à faire avec argumentaire

- Partition pour effectuer des travaux sur des processeurs GPUs: basecalling, MiniOn etc..
- Accès restreint au groupe gpu\_account
- Demande d'accès avec argumentaire à faire sur

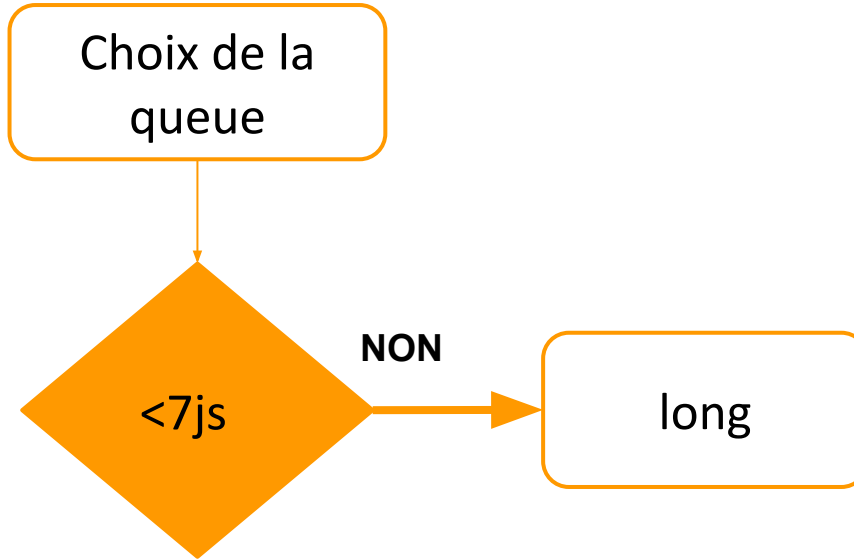
<https://itrop-gipi.ird.fr/plugins/formcreator/front/formlist.php>



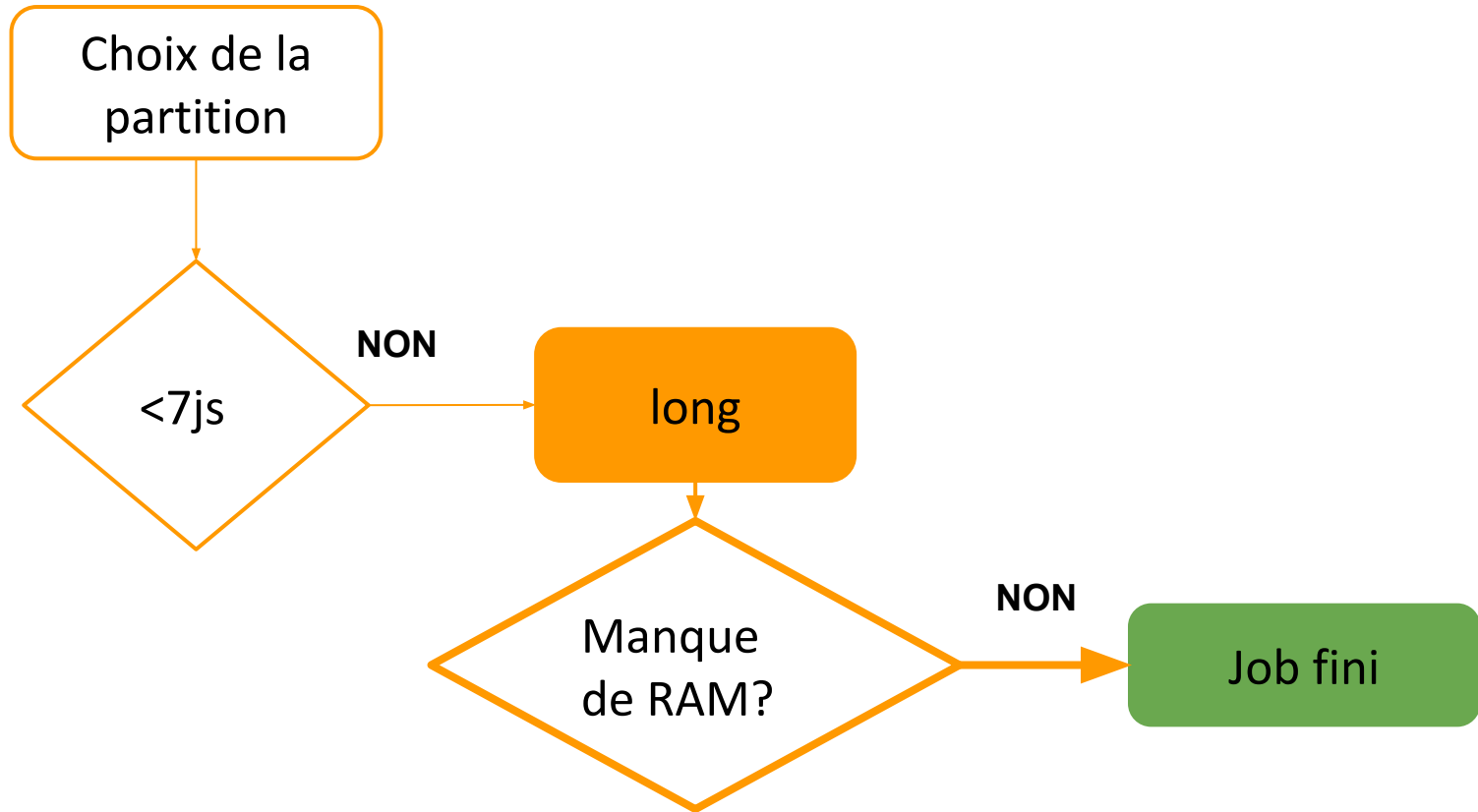
# Quelle partition choisir?



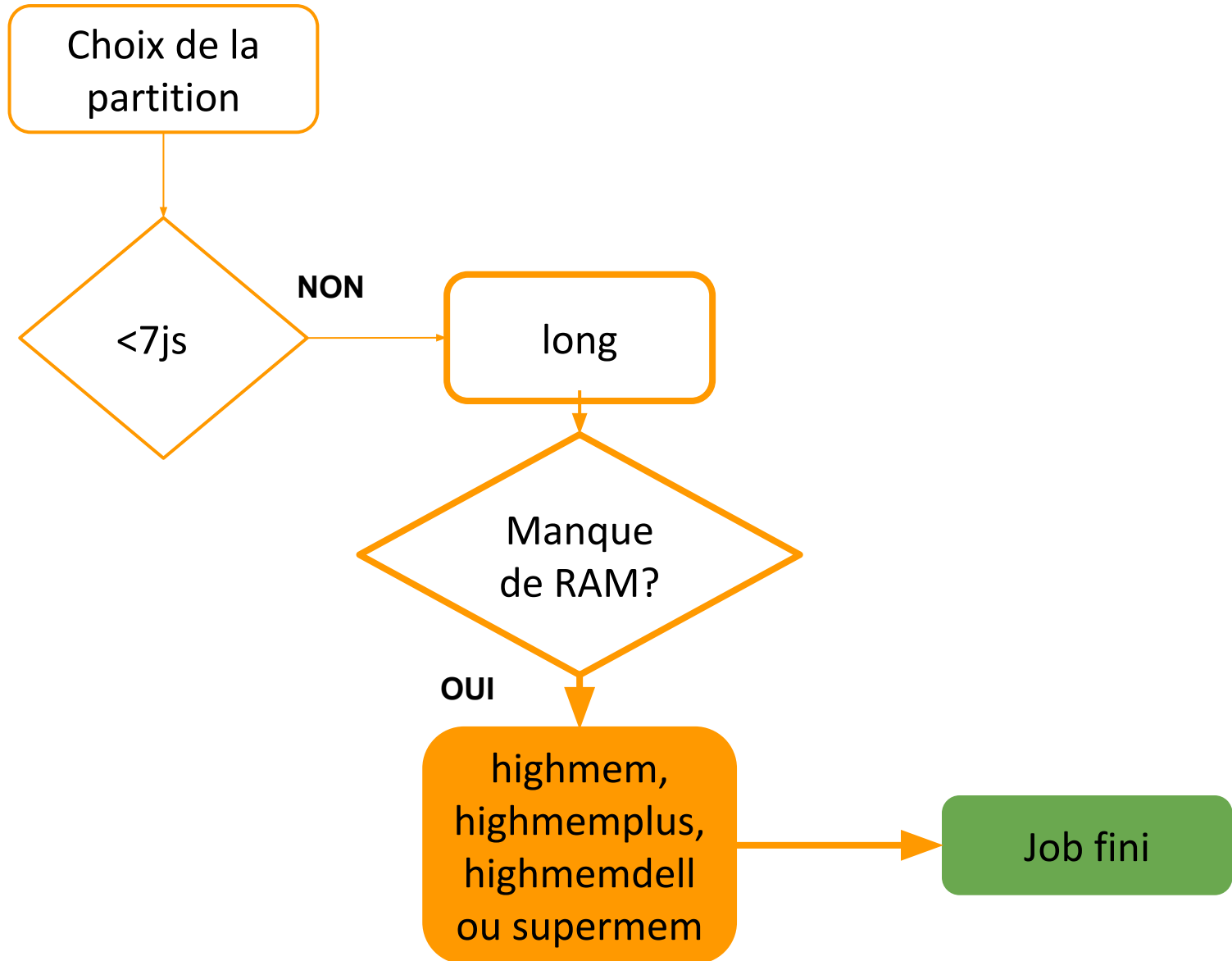
# Quelle partition choisir?



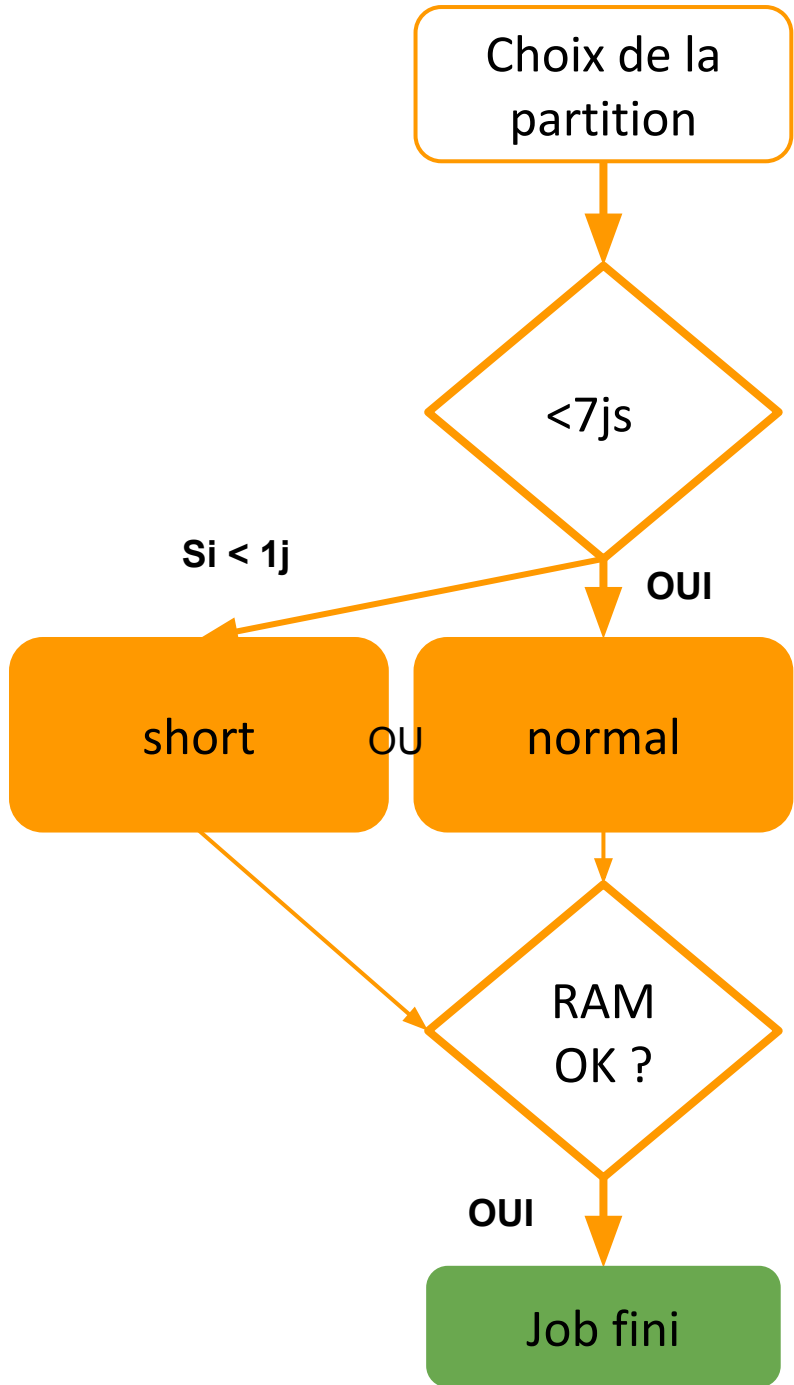
# Quelle partition choisir?



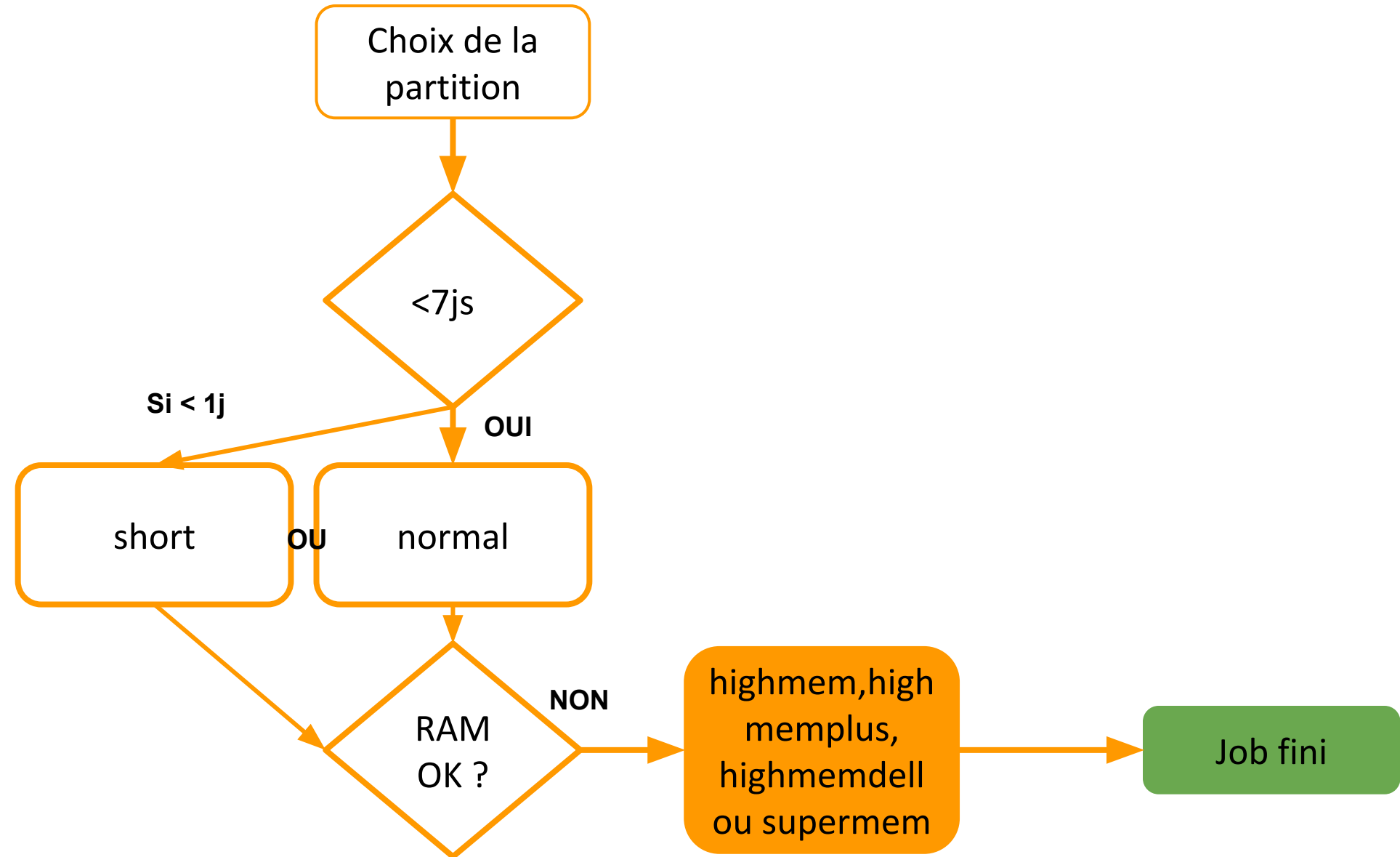
# Quelle partition choisir?



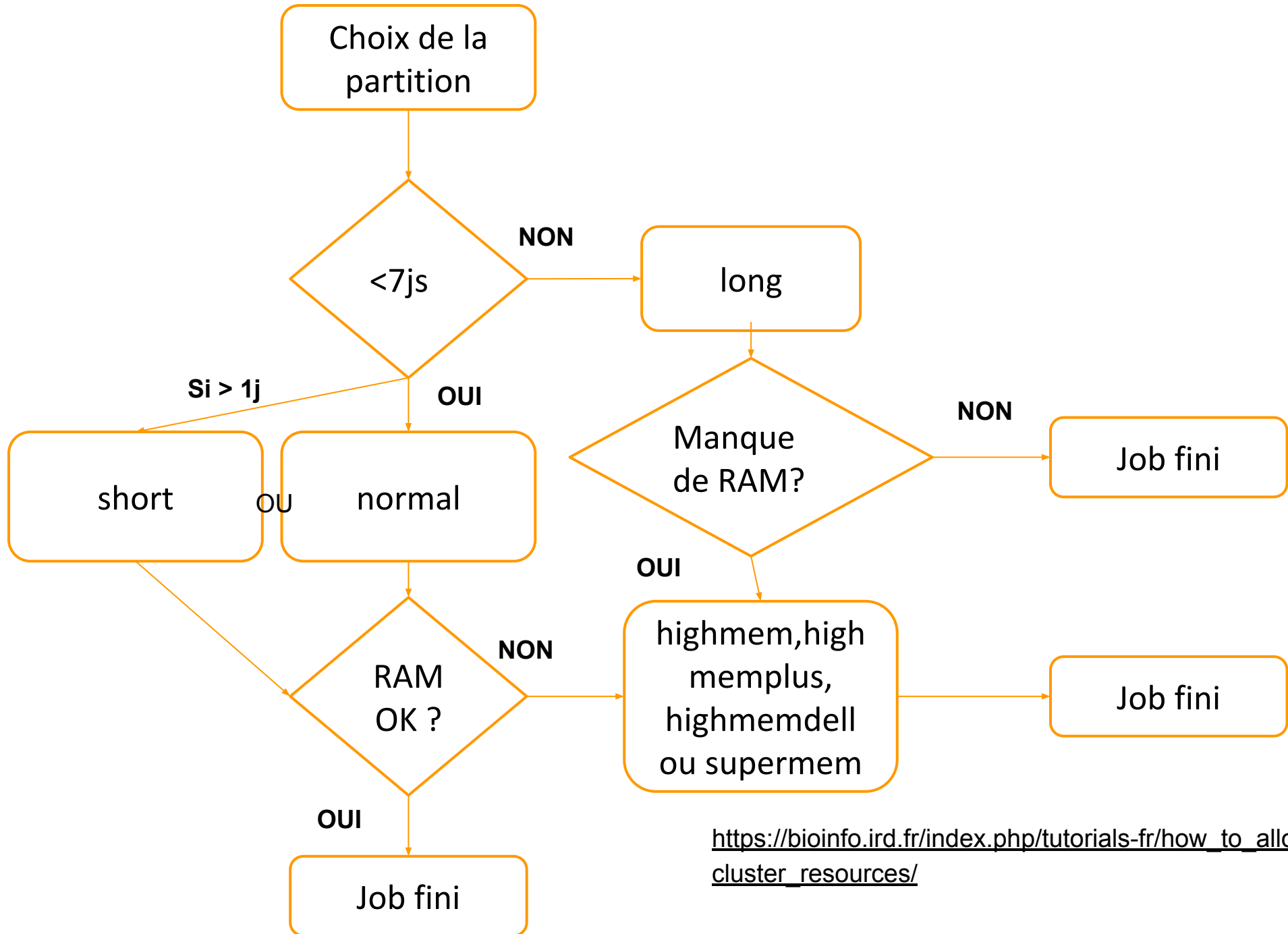
# Quelle partition choisir?



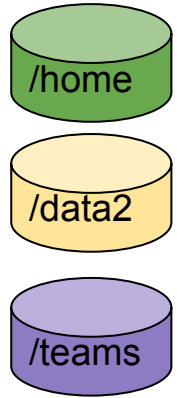
# Quelle partition choisir?



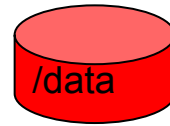
# Quelle partition choisir?



[https://bioinfo.ird.fr/index.php/tutorials-fr/how\\_to\\_allocate\\_cluster\\_resources/](https://bioinfo.ird.fr/index.php/tutorials-fr/how_to_allocate_cluster_resources/)



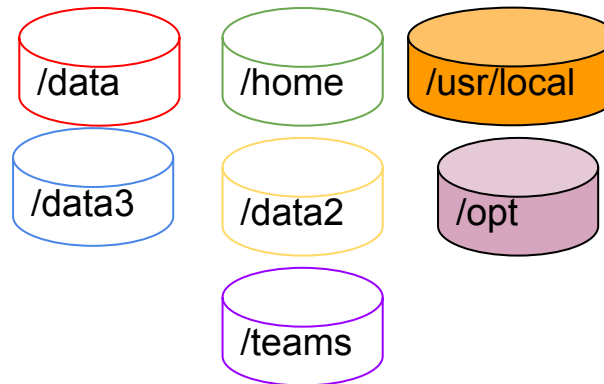
**bioinfo-nas.ird.fr**



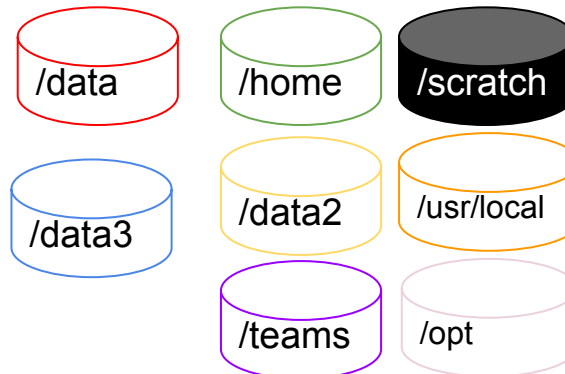
**bioinfo-nas2.ird.fr**



**bioinfo-nas3.ird.fr**



**bioinfo-master.ird.fr**



**32 noeuds**

Légende:

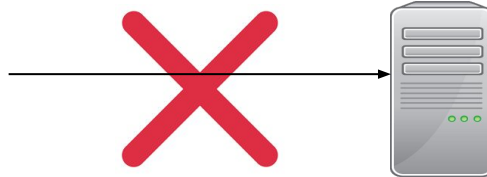
**Disques durs locaux en cylindres pleins**

**Liens virtuels vers disques durs physiques (cylindres vides)**





Ordinateur  
personnel



**Transfert direct  
via filezilla  
interdit**



**bioinfo-master.ird.fr**



# Practice

Etape3 et 4: scp vers noeuds

4

*Aller sur le [Practice4](#) du github*

- Permet de choisir la version du logiciel que l'on veut utiliser
- 2 types de logiciels :
  - bioinfo : désigne les logiciels de bioinformatique ( exemple BEAST)
  - system : désigne tous les logiciels systèmes(exemple JAVA)
- Surpassent les variables d'environnement

- 5 types de commandes :
  - Voir les modules disponibles :  
`module avail`
  - Obtenir une info sur un module en particulier :  
`module whatis + module name`
  - Charger un module :  
`module load + modulename`
  - Lister les modules chargés :  
`module list`
  - Décharger un module :  
`module unload + modulename`
  - Décharger tous les modules :  
`module purge`



# Practice

Etape5: module environment

5

*Aller sur le [Practice5](#) du github*

- Charger la version du logiciel à lancer
- Lancer l'analyse des données

```
$~ commande <options> <arguments>
```

Avec *commande*: la commande à lancer



# Practice

## Etape6: lancer l'analyse

6

*Aller sur le [Practice6](#) du github*



# Practice

## Etape7: Récupérer les résultats

7

*Aller sur le [Practice7](#) du github*



- Scratch= espaces temporaires
- Vérifier la copie des résultats avant
- Utiliser la commande rm

```
cd /scratch  
rm -rf nom_rep
```



# Practice

Etape8: suppression des données

8

*Aller sur le [Practice8](#) du github*

# Scripts pour visualiser/supprimer données temporaires

- Emplacement des scripts: `/opt/scripts/scratch-scripts`
- Visualiser ses données sur les scratches: `scratch_use.sh`

```
sh /opt/scripts/scratch-scripts/scratch_use.sh
```

- Supprimer ses données sur les scratches: `clean_scratch.sh`

```
sh /opt/scripts/scratch-scripts/clean_scratch.sh
```

Commande	Description	Exemple
<code>srun --time=0X:00 --pty bash -i</code>	Se connecter de manière interactive à un noeud pendant X minutes	<code>srun --time=02:00:00 --pty bash -i</code> Connexion pendant 2 heures
<code>sbatch</code>	Lancer une analyse via script en arrière plan	<code>sbatch script.sh</code>
<code>sinfo</code>	Informations sur les partitions	<code>sinfo</code>
<code>scancel</code>	Suppression d'un job <job_id>	<code>scancel 1029</code>
<code>squeue</code>	Infos sur tous les jobs	<code>squeue -u tando</code>
<code>scontrol show job &lt;job_id&gt;</code>	Infos sur le job actif <job_id>	<code>scontrol show job 1029</code>
<code>sacct -j &lt;job_id&gt;</code>	Infos sur le job terminé <job_id>	<code>sacct -j 1029</code>

Options	Description	Exemple
<code>--job-name=&lt;name&gt;</code>	Donner un nom au job	<code>sbatch --job-name=tando_blast</code>
<code>-p &lt;partition&gt;</code>	Choisir une partition	<code>sbatch -p highmem</code>
<code>--nodelist=&lt;nodeX&gt;</code>	Choisir un noeud en particulier	<code>sbatch -p normal --nodelist=node14</code>
<code>-n &lt;nbre_taches&gt;</code>	Lancer plusieurs instance d'une commande	<code>srun -n 4 hostname</code>
<code>-c &lt;nb_cpu_par_tache&gt;</code>	Allouer le nombre de cpus par tâche	<code>srun -n 4 -c 2 hostname</code>
<code>--mail-user=&lt;emailaddress&gt;</code>	Envoyer un mail	<code>sbatch --mail-user=ndomassi@ird.fr</code>
<code>--mail-type=&lt;event&gt;</code>	Envoyer un mail quand: END: fin du job FAIL: abandon BEGIN: début du job ALL: tout	<code>sbatch ---mail-type=BEGIN</code>

**LANCER UN JOB**

- Le scheduler choisit les ressources automatiquement
- Lancer des jobs utilisant jusqu'à 32 coeurs
- Possibilité de paramétrer ce choix
- Jobs lancés en arrière plan
  - possibilité d'éteindre son ordinateur
  - récupération des résultats automatique

- C'est le fait d'exécuter un script bash via Slurm
- On utilise la commande:

```
$~ sbatch script.sh
```

Avec `script.sh` : le nom du script



Options	Description	Exemple
<code>--job-name=&lt;name&gt;</code>	Donner un nom au job	<code>sbatch --job-name=tando_blast</code>
<code>-p &lt;partition&gt;</code>	Choisir une partition	<code>sbatch -p highmem</code>
<code>--odelist=&lt;nodeX&gt;</code>	Choisir un noeud en particulier	<code>sbatch -p normal --odelist=node14</code>
<code>-n &lt;nbre_taches&gt;</code>	Lancer plusieurs instance d'une commande	<code>srun -n 4 hostname</code>
<code>-c &lt;nb_cpu_par_tache&gt;</code>	Allouer le nombre de cpus par tâche	<code>srun -n 4 -c 2 hostname</code>
<code>--mail-user=&lt;emailaddress&gt;</code>	Envoyer un mail	<code>sbatch --mail-user=ndomassi.tando@ird.fr</code>
<code>--mail-type=&lt;event&gt;</code>	Envoyer un mail quand: END: fin du job FAIL: abandon BEGIN: début du job ALL: tout	<code>sbatch ---mail-type=BEGIN</code>

Dans la première partie du script on renseigne les options d'exécution de slurm avec le mot clé #SBATCH (partie en vert)

```
#!/bin/bash

##### Configuration SLURM#####
## On définit le nom du job
#SBATCH --job-name=test
## On définit le nom du fichier de sortie
#SBATCH --output=res.txt
## On définit le nombre de tâches
#SBATCH --ntasks=1
## On définit le temps limite d'exécution
#SBATCH --time=10:00
#####
```

Dans la 2e partie du script on renseigne les actions à effectuer

```
#####Partie exécution des commandes #####
```

```
nom_variable1="valeur_variable1"  
nom_variable2="valeur_variable2"
```

```
sleep 30  
hostname
```



# Practice

Lancer un script avec sbatch

9

*Aller sur le [Practice9](#) du github*

La réponse à l'enquête suivante est **obligatoire** pour avoir **votre compte prolongé**:

<https://itrop-survey.ird.fr/index.php/824194?lang=fr>

Si vous utilisez les ressources du plateau i-Trop.

Merci de nous citer avec:

“The authors acknowledge the ISO 9001 certified IRD i-Trop HPC (South Green Platform) at IRD montpellier for providing HPC resources that have contributed to the research results reported within this paper.

URL: <https://bioinfo.ird.fr/>- <http://www.southgreen.fr>  
”

- Pensez à inclure un budget ressources de calcul dans vos réponses à projets
- Besoin en disques dur, renouvellement de machines etc...
- Devis disponibles
- Contactez [bioinfo@ird.fr](mailto:bioinfo@ird.fr) : aide, définition de besoins, devis...

# Merci pour votre attention !



Le matériel pédagogique utilisé pour ces enseignements est mis à disposition selon les termes de la licence Creative Commons Attribution - Pas d'Utilisation Commerciale - Partage dans les Mêmes Conditions (BY-NC-SA) 4.0 International:

<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/>