

Les ressources de calcul et leur utilisation

- Plateformes de calcul :

- Ressources locales :

- **PlaFRIM** (Plateforme Fédérative pour la Recherche en Informatique et Mathématiques)

- <https://plafrim.bordeaux.inria.fr>

- Ressources régionales :

- **MCIA** (Mésocentre de Calcul Intensif Aquitain)

- <http://www.mcia.univ-bordeaux.fr>

- Ressources nationales :

- **IDRIS** (Institut du développement et des ressources en informatique scientifique)

- <http://www.idris.fr>

- **CINES** (Centre Informatique National de l'Enseignement Supérieur)

- <http://www.cines.fr>

14 novembre 2014

Khodor KHADRA, Ingénieur de Recherche Calcul Scientifique

Compte PlaFRIM

- **Mutualisation** des moyens de calcul :

- IMB : Institut de Mathématiques de Bordeaux
- LaBRI : Laboratoire Bordelais de Recherche en Informatique
- INRIA Bordeaux – Sud-Ouest

<https://plafrim.bordeaux.inria.fr>

- **Condition nécessaire** pour avoir un compte PlaFRIM :

avoir un compte IMB (identifiant et mot de passe Université de Bordeaux)

- Générer depuis son compte IMB sa **clé ssh** protégée par une « *passphrase* » :

http://www.math.u-bordeaux1.fr/imb/cellule/article190.html#les_cles_ssh_la_boucle_de_calculs

- **Demande de ressources** :

https://plafrim.bordeaux.inria.fr/doku.php?id=plateforme:demande_de_ressources

Passerelle d'entrée pour accéder à l'ensemble des ressources de calcul

- Pour l'IMB, il s'agit de la machine **mygale = devel01**
- Depuis son poste de travail au bureau :

```
ssh -Y id_plafrim@mygale
```

 (avec la passphrase)
- Depuis l'extérieur sur son ordinateur portable ou fixe de domicile :

```
ssh -Y id_univbdx@acces.math.u-bordeaux.fr
```

 (avec le mot de passe IMB)

```
ssh -Y id_plafrim@mygale
```

 (avec la passphrase)
- L'option **-Y** permet d'obtenir le déport graphique (elle n'est pas obligatoire)
- **ATTENTION** : les deux comptes **IMB** et **PlaFRIM** sont disjoints et en général ils ont le même identifiant id, celui du compte Université de Bordeaux

Espaces de stockage

- <https://plafrim.bordeaux.inria.fr/doku.php?id=plateforme:stockage:stockage>
- Chaque utilisateur a accès à un certain nombre d'espaces de stockage avec des tailles différentes en Go qui lui sont dédiés
- Par défaut, le répertoire de travail est **/home/id_plafrim**
- Tous les espaces de stockage sont **accessibles sur l'ensemble des machines de calcul**
- Choix de l'espace de stockage en fonction de la :
 - taille des données
 - sauvegarde des données
 - rapidité des accès disques au moment de l'écriture des fichiers de résultats

Transfert de fichiers IMB <---> PlaFRIM

- La plupart du temps, comme la taille des données de calcul est relativement grande, elles restent stockées sur le compte PlaFRIM et n'ont pas besoin d'être rapatriées sur le compte IMB pour être exploitées
- Les éventuels transferts de fichiers ou répertoires entre les deux comptes IMB et PlaFRIM se font via la commande **scp**. Par exemple, **à partir du compte IMB**,

transfert PlaFRIM ---> IMB :

```
scp -r id_plafrim@mygale:cheminPlaFRIM/repertoiredonnees cheminIMB/.
```

transfert IMB ---> PlaFRIM :

```
scp -r cheminIMB/repertoiredonnees id_plafrim@mygale:cheminPlaFRIM/.
```

Si **id_plafrim = id_univbx**, pas besoin de préciser dans la commande **id_plafrim@**

Quelques définitions

- Un **nœud** de calcul = une machine de calcul qui comprend :
 - sa mémoire vive et son disque dur local
 - plusieurs **processeurs P** à plusieurs **cœurs C** de calcul chacun

$P \cdot C$ cœurs de calcul par nœud
- Un **processus** de calcul est défini par :
 - un ensemble d'instructions à exécuter un programme
 - un espace mémoire pour les données de travail
- Un **job** de calcul = un ensemble de processus liés à l'exécution d'un code calcul
- Pour un calcul **séquentiel**, un processus est rattaché à un seul cœur de calcul
- Pour un calcul **parallèle**, PS processus tournent sur C cœurs de calcul, on peut choisir $PS > C$ mais il est préférable de choisir $PS=C$, c'est à dire un seul processus par cœur de calcul

Les machines interactives

- <https://plafrim.bordeaux.inria.fr/doku.php?id=plateforme:configurations:devel>
- Une **machine interactive** est un nœud à partir duquel un utilisateur va pouvoir se connecter directement pour écrire, compiler et exécuter un code de calcul séquentiel ou parallèle
- Il y en a dix : devel01, ..., devel10
Chaque nœud develxx comprend 24 Go de RAM et 8 cœurs de calcul
- devel01, devel09, devel10 sont les passerelles d'entrée respectives pour l'IMB, l'INRIA et le LaBRI. **NE PAS lancer des processus gourmands en mémoire et CPU sur ces trois develxx**, car saturées elles peuvent s'arrêter, et les utilisateurs perdent ainsi l'accès à l'ensemble des machines de PlaFRIM.

Les machines interactives

- A partir de mygale = devel01, se connecter sur les autres develxx (xx = 02, ...,08) :

`ssh -Y devel`

L'utilisateur se retrouve **automatiquement connecté sur la machine develxx la moins chargée**

- **ATTENTION : tous les utilisateurs se partagent l'ensemble des 8 cœurs**

Il peut y avoir $P > 8$ processus qui tournent sur une develxx

- Avoir le réflexe de taper la commande `top` afin de s'assurer de l'ensemble des processus qui tournent afin d'éviter une surcharge de la machine et de conduire à son éventuel « crash »

Les clusters de calcul

- Un **cluster de calcul** est un ensemble de N nœuds
- Chaque nœud a P processeurs ayant C cœurs de calcul chacun
- Il y a donc $P * C$ cœurs par nœud
- Pour un cluster donné, il y a donc **$N * P * C$ cœurs de calcul**
- Architecture homogène de tous les nœuds d'un même cluster
- Les nœuds communiquent entre eux par l'intermédiaire d'un réseau Infiniband
- Type de calcul dédié : séquentiel et parallèle

Les clusters de calcul

- **Quatre clusters de calcul :**
 - **fourmi** (68 nœuds : fourmi001, ... , fourmi068)
<https://plafrim.bordeaux.inria.fr/doku.php?id=plateforme:configurations:fourmi>
 - **bonobo** (24 nœuds : bonobo001, ... , bonobo024)
<https://plafrim.bordeaux.inria.fr/doku.php?id=plateforme:configurations:bonobo>
 - **mirabelle** (16 nœuds : mirabelle001, ... , mirabelle016)
<https://plafrim.bordeaux.inria.fr/doku.php?id=plateforme:configurations:mirabelle>
 - **mirage** (9 nœuds : mirage001, ... , mirage009)
<https://plafrim.bordeaux.inria.fr/doku.php?id=plateforme:configurations:mirage>
 - **mistral** (9 nœuds : mistral09, ... , mistral18)
<https://plafrim.bordeaux.inria.fr/doku.php?id=plateforme:configurations:mistral>
- **On accède à un cluster de calcul depuis mygale en mode batch, et il y a deux façons de travailler en mode batch**

Le premier principe de base du batch : le batch standard

- Il n'y a pas besoin de se connecter directement sur les nœuds d'un cluster
- Depuis mygale, via un fichier et des commandes dites de batch :
 - choisir le cluster
 - réserver NR nœuds ($NR \leq N$) avec CR cœurs par nœud ($CR \leq C$)
 - lancer son job sur les $NR*CR$ cœurs
 - le job est soit en train de s'exécuter, soit placé en queue dans une file d'attente prêt à être exécuté selon les disponibilités des ressources demandées
 - contrôler l'état du job à tout moment : les nœuds sur lesquels ils tournent et le temps écoulé
- **Avantage : durant l'exécution d'un job, l'utilisateur est assuré d'avoir en permanence $NR*CR$ cœurs réservés à lui seul**

Le fichier de batch

- https://plafrim.bordeaux.inria.fr/doku.php?id=utilisation:batches:fichier_de_batch
- On le nomme comme on veut, c'est un fichier texte de quelques lignes
- Il contient des commentaires de texte, des commandes shell UNIX standard et des instructions de batch
- Tout commentaire de texte ou de commande UNIX **ne doit pas comporter d'accent** et doit être précédé du symbole #
- Toute instruction de batch doit être précédée du symbole **#PBS** car le logiciel de gestion de batch s'appelle PBS
- On commente une instruction de batch avec le symbole **##PBS**
- PBS est le logiciel qui va permettre via des commandes dites de batch d'exécuter le fichier de batch sur les NR*CR coeurs de calcul d'un cluster

Que précise t-on dans un fichier de batch ?

- Le **nom du job**
- le **nom du cluster** sur lequel le job va tourner, par défaut c'est *fourmi* quand on ne précise pas le nom
- le **temps maximum de restitution du calcul** en heures, minutes, secondes
- la **mémoire en MégaBytes (Mb) ou GigaBytes (Gb) requise par le processus (monocoeur séquentiel) ou par la somme des processus (multicoeurs parallèle)**
- dans le cas d'un code parallèle, le **nombre de nœuds NR et de cœurs CR** par noeud
- une suite de commandes shell UNIX standard comme en mode interactif (positionnement dans le répertoire de travail, compilation, exécution, ...)

Classes de batch à l'exécution d'un fichier de batch

- A l'exécution d'un fichier de batch , le job est :
 - rattaché à un numéro attribué par le gestionnaire de batch
 - **placé automatiquement** dans une classe de batch en fonction du temps de calcul et du nombre de nœuds demandés
https://plafrim.bordeaux.inria.fr/doku.php?id=utilisation:batches:queues_de_routage
 - soit en mode **Queue** : placé dans une file d'attente plus ou moins prioritaire en fonction des ressources demandées (nombre de cœurs et temps de calcul) et celles disponibles à un instant donné sur le cluster
 - soit en mode **Run** : en train de s'exécuter sur les $NR * CR$ cœurs avec le temps d'exécution en cours qui s'affiche

Quelques commandes de batch à exécuter depuis mygale

- https://plafrim.bordeaux.inria.fr/doku.php?id=utilisation:batches:commandes_de_batch

- Exécuter un fichier de batch :

```
qsub monfichier_batch
```

- Voir l'état de tous les jobs sur tous les clusters :

```
qstat -n  
qstat -a
```

- Voir uniquement l'état de ses jobs sur tous les clusters :

```
qstat -u id_plafrim
```

- Supprimer un job :

```
qdel numero_job
```

Quelques conseils

- Si vous avez estimé un temps trop court, le job tourne et s'arrête à la fin du temps que vous avez demandé (le job est « tué »)
- Si vous avez estimé une mémoire insuffisante par rapport à votre jeu de données, le job s'arrête immédiatement (le job est « tué »)
- On peut estimer la mémoire utilisée en ayant fait tourner au préalable sur un jeu de données de taille raisonnable le code sur une machine interactive, repéré via la commande **top** dans la colonne RES la mémoire allouée, et extrapolé ainsi sur des tailles de données plus grandes
- Prévoyez un supplément de 20% par rapport à vos estimations temps/mémoire

Quelques conseils

- **Ne pas donner un temps de calcul et une mémoire très élevés si votre code ne requiert pas ces ressources. Vous risquez de vous bloquer dans les priorités des files d'attente des jobs, et de monopoliser les ressources du cluster inutilement**
- **Avant de lancer un job en mode batch sur un cluster, s'assurer auparavant qu'il a bien été compilé et que l'exécutable a bien été généré sur une machine interactive develxx**

A la fin du déroulement d'un job en mode batch

Deux fichiers de sortie sont générés dans le répertoire où est exécuté le fichier de batch :

- le fichier `nom_job.o numero` qui contient la **sortie standard** (print écran) ; ce qui signifie que l'on n'est pas obligé de générer cette sortie standard dans un autre fichier puisqu'elle se fait automatiquement
- Le fichier `nom_job.e numero` qui contient les **temps de calcul** (quand l'exécutable du code est lancé avec la commande **time**) ainsi que les **éventuels messages d'erreur** si le code de calcul ne s'est pas déroulé comme prévu jusqu'à la fin

Deuxième possibilité du batch : le batch interactif

- https://plafrim.bordeaux.inria.fr/doku.php?id=utilisation:batches:travailler_en_interactif#le_choix_des_ressources
- Idée : ne pas soumettre un job de manière “différée” en réalisant un fichier de batch mais travailler de manière “interactive” sur plusieurs nœuds d'un cluster
- Réserver un ou plusieurs nœuds d'un cluster avec plusieurs coeurs, et travailler de la même manière que sur les machines interactives develxx
- Ce n'est pas vraiment du batch, c'est du mode interactif, mais la réservation des noeuds et coeurs utilise le gestionnaire de batch PBS, d'où le nom « batch interectif » même si ce nom peut prêter à confusion
- **Avantage comme en batch standard : durant l'exécution d'un job, l'utilisateur est assuré d'avoir en permanence $NR \times CR$ coeurs réservés à lui seul**

Deuxième possibilité du batch : le batch interactif

- **A partir de mygale**, taper la commande :

```
qsub -I -X -qclustername -lnodes=NR:ppn=CR -lwalltime=h:m:s -lmem=zzzzM(G)b
```

- L'option **-I** permet de demander une soumission interactive
- L'option **-X** permet d'obtenir le déport graphique (elle n'est pas obligatoire)
- L'option **-qclustername** est à préciser si le nom du cluster est autre que fourni
- **NR** et **CR** : nombre de noeuds et de cœurs demandés par noeud
- **h, m, s** : nombre d'heures, minutes et secondes du temps maximum d'exécution du code
- **zzzz** : mémoire en MégaBytes ou GigaBytes

Deuxième possibilité du batch : le batch interactif

- Lorsque l'ensemble des ressources demandé est disponible, l'utilisateur atterrit sur un des nœuds réservés fourmixxx, ou bonoboxxx ou mirabellexx ou miragexxx
- Lorsque l'ensemble des ressources demandé n'est pas disponible, l'utilisateur reste sur mygale
- Attention : pas de fichiers de sortie .o et .e générés comme en mode batch standard

Choix optimal du nombre de nœuds et de cœurs en mode batch

- Un utilisateur souhaite faire tourner un code parallèle sur un nombre total de cœurs CT => question : comment répartir les CT cœurs sur un ensemble de NR nœuds avec CR cœurs par nœud,

c.a.d comment choisir de façon optimale NR et CR tels que $NR*CR = CT$?

- C étant le nombre de coeurs total disponibles par nœud, le plus optimal est de choisir CR le plus proche possible de C , mais la règle n'est pas aussi simple car elle dépend de :
 - la charge des ressources (les C cœurs ne sont pas tous disponibles par nœud)
 - la mémoire vive requise (un utilisateur peut être ramené à réserver plus de nœuds avec juste quelques cœurs par nœud)

Exclusivité des nœuds en mode batch standard ou interactif

- **ATTENTION : par défaut les nœuds ne sont pas exclusifs**, c'est à dire qu'il est possible d'avoir d'autres jobs qui viennent se greffer sur les autres cœurs d'un nœud lorsque le nombre de cœurs réservés par nœud CR est strictement inférieur au nombre de cœurs C du noeud
- S'il y a un besoin d'utiliser un nœud de manière exclusive avec la totalité de ces cœurs même si $CR < C$ (ce qui peut arriver lorsque vous voulez exploitez toute la mémoire vive du nœud), rajouter dans la commande qsub, l'option :

-W=NACCESSPOLICY:SINGLEJOB

Par exemple :

```
qsub -W=NACCESSPOLICY:SINGLEJOB monfichier_batch
```

```
qsub -I -X -qclustername -lnodes=NR:ppn=CR -W=NACCESSPOLICY:SINGLEJOB -lwalltime=h:m:s -lmem=zzzzM(G)b
```

Mode Interactif sur les devel xx

- Mise au point : écriture du code source, compilation, tests immédiats sur des petits jeux de données et sur un petit nombre de cœurs
- Accès immédiat aux nœuds
- Débogage avec des logiciels
- Nœuds non exclusifs, tous les utilisateurs se partagent l'ensemble des cœurs => un job peut être en mode Run et ralenti selon embouteillage si $P > 8$ processus tournent

ou Mode Batch sur les clusters

- Plus de ressources, jobs longs et qui requièrent beaucoup de mémoire
- En batch standard , lancer son job sans attendre la disponibilité des ressources. Le job est soit en mode Run ou en mode Queue jusqu'à la disponibilité des ressources. Quand un job est en mode Run, l'utilisateur est assuré d'avoir $NR * CR$ cœurs réservés à lui seul jusqu'à la fin du job.
- Possibilité de rendre les nœuds exclusifs
- Débogage avec des logiciels en batch interactif
- Nœuds pas toujours disponibles au moment de l'exécution de la commande qsub

Batch standard

ou

Batch interactif

- Pour des longs calculs
- Même si les ressources demandées ne sont pas disponibles à un instant donné, ne pas hésiter à lancer la commande « qsub ... » car le job reste en queue le temps que des ressources se libèrent.
- **Ne pas attendre la disponibilité des ressources pour lancer le job.**

- Pratique pour des applications de durée « raisonnable ».
- Les ressources demandées ne sont pas toujours disponibles au moment où l'utilisateur tape la commande « qsub -I ... » => l'utilisateur reste alors sur mygale et retente la commande.
- **Débogage interactif**

Voir la charge de l'ensemble des ressources

- <https://plafrim.bordeaux.inria.fr/ganglia>

Détails de la charge de chaque nœud (machines interactives et clusters)

- <https://plafrim.bordeaux.inria.fr/monika>

Tableau simplifié de la charge de l'ensemble des nœuds des clusters

Pour chaque job, accès aux informations suivantes :

- nom utilisateur
- nombre de nœuds demandés
- classe de batch
- temps de calcul demandé et écoulé

=> Pratique pour optimiser le choix du cluster en fonction des ressources occupées

Travailler en mode interactif avec SCREEN

- **SCREEN** est un utilitaire permettant entre autre de détacher une session sur laquelle tourne un code de calcul, sans interrompre le code, et de s'y rattacher à tout moment depuis n'importe quel poste de travail distant
- **Avantage d'utiliser SCREEN** : un utilisateur peut détacher et rattacher à n'importe quel moment sa session sans perdre le contrôle de ses calculs, en particulier les impressions écran et les messages d'erreur en cas d'arrêt brutal du code de calcul
- **Toutes les sessions SCREEN sont créées sur mygale**

Travailler en mode interactif avec SCREEN

Exemple d'utilisation :

- sur mygale, pour ouvrir une session screen, taper la commande

`screen -S nom_sessionscreen`

la session screen *nom_sessionscreen* s'ouvre alors sur mygale

- depuis cette session screen, on peut se connecter sur un nœud donné xxx (ssh devel ou qsub en mode batch interactif) et exécuter un code de calcul
- on peut détacher cette session screen via la commande

`[CTRL a][d]`

et on se retrouve déconnecté du nœud xxx => **[detached]**, et à nouveau sur mygale hors de la session screen

Travailler en mode interactif avec SCREEN

- on peut se déconnecter de mygale via la commande **exit** (=> **connection to mygale closed**), puis se déconnecter de son poste de travail alors que le code continue à tourner sur le nœud xxx
- depuis n'importe quel poste distant, on peut se connecter à nouveau sur mygale via ssh, se rattracher à la session screen précédente via la commande
screen -r nom_sessionscreen
- on se retrouve alors directement sur le nœud xxx exactement dans le même état qu'avant le détachement de la session screen, et on peut contrôler à nouveau l'état du job de calcul
- pour supprimer complètement la session screen, on tape respectivement :
 - **exit** en étant sur le nœud xxx, on se retrouve sur mygale dans la session screen
 - **exit** en étant sur mygale dans la session screen => **[screen is terminating]**, et on se retrouve sur mygale hors de la session screen

Travailler en mode interactif avec SCREEN

- **Commandes utiles :**
 - créer à partir de mygale autant de sessions screen via la commande `screen -S nomyyy_sessionscreen`
 - lister sur mygale l'ensemble des sessions screen ouvertes via la commande `screen -ls`
 - depuis n'importe quelle machine de calcul on se détache d'une session screen via la commande `[CTRL a][d]`
 - depuis mygale, on se rattache à une session screen via la commande `sreen -r nomyyy_sessionscreen`

Les points de reprise dans un code de calcul

- **INDISPENSABLE** : dans les impressions, en dehors des sorties standard “print”, penser à générer dans le code de calcul des fichiers de sortie avec des points d’arrêt à intervalles réguliers
- Cela présente les avantages suivants :
 - avoir le contrôle des calculs à intervalle de temps régulier via les fichiers de résultats, et en cas de nécessité arrêter le code à temps en cas de divergence des calculs
 - en cas d’arrêt des machines, reprendre le calcul à partir du dernier point d’arrêt et non pas de l’état initial

Les modules

- https://plafrim.bordeaux.inria.fr/doku.php?id=utilisation:modules:modules#les_modules
- Un module est un fichier qui va permettre d'utiliser un compilateur, une bibliothèque de calcul ou un logiciel installé sur les nœuds de calcul
- La liste des modules est accessible sur toutes les machines de calcul
- Les modules sont classés dans quatre partitions en fonction de leurs usages

Les modules

- En général, un nom de module est composé de trois champs : `uuu/vvv/nnn`
 - `uuu` est le type de module (compilateur, bibliothèque, ...)
 - `vvv` est le nom du type du module
 - `nnn` est le numéro de version

Par exemple `compiler/gcc/4.8.3`

- Pour un module donné, il existe plusieurs numéros de version dont une « **stable** » (c'est à dire déjà validée). Il est souvent recommandé de travailler avec des versions stables. Lorsqu'on ne précise pas le numéro de version, c'est la version stable qui est chargée.

Les modules

- Pour obtenir la liste des modules avec leur numéro de version :

module av

- Pour charger un module :

module add nom_module

Cette commande positionne automatiquement un certain nombre de variables d'environnement nécessaires à l'utilisation de bibliothèques

- Pour connaître la liste des modules qui sont chargés dans votre environnement :

module liste

- Pour enlever tous les modules de votre environnement :

module purge

Les modules

- En mode interactif (incluant le batch interactif) les charger en tapant directement les commandes dans la fenêtre terminal
- En mode batch standard les charger dans le fichier de batch
- S'il s'agit d'un module que l'on utilise fréquemment, il suffit de le charger une fois pour toute dans le fichier `.bashrc`
- Il peut y avoir des **dépendances (pré-requis)** dans le chargement d'un module : par exemple un module M2 ne peut être chargé avant que le module M1 ne le soit. Un message vous le signalera avec les pré-requis nécessaires à charger au préalable

Les modules spécifiques à un utilisateur

- https://plafrim.bordeaux.inria.fr/doku.php?id=utilisation:modules:modules#les_modules_utilisateurs_plafrim-dev
- Chaque utilisateur de PlaFRIM a la possibilité d'installer son propre module dans une partition spéciale **plafrim-dev** et de le faire partager à l'ensemble des utilisateurs
- Pour avoir les droits d'écriture et de dépôt dans cette partition, envoyer un courriel à plafrim-support@inria.fr. Vous recevrez alors toutes les indications et recommandations pour installer des nouveaux modules sur la plateforme
- Un utilisateur qui installe un module dans plafrim-dev a la charge de sa mise à jour

Exemples de modules

compiler/intel/nnn
mpi/intel/nnn

Partition /opt/cluster/plafrim2/modulefiles
Compilateur Intel + Bibliothèque MPI

tools/ddt/nnn

Partition /opt/cluster/plafrim2/modulefiles
Débogueur DDT avec interface graphique

linalg/petsc/nnn

Partition /opt/cluster/plafrim2-dev/modulefiles
Bibliothèque PETSC

maple/nnn
matlab/nnn
scilab/nnn
paraview/nnn
tecplot/nnn

Partition /opt/cluster/softs/modulefiles
Disponible partout sauf sur devel01

nnn : numéro de version

Compilation

- **Les compilateurs GNU sont installés par défaut** avec le système et n'ont pas besoin d'être chargés via des modules. On utilise respectivement pour le Fortran et C les compilateurs **gfortran** et **gcc**

- Pour les **compilateurs intel pour un code séquentiel**, on peut charger le module :

```
module add compiler/intel
```

et on utilise respectivement pour le Fortran et C les compilateurs **ifort** et **icc**

- Pour les **compilateurs intel pour un code parallèle avec MPI**, on peut charger les modules :

```
module add compiler/intel
```

```
module add mpi/intel
```

et on utilise respectivement pour le Fortran et C les compilateurs **mpif90** et **mpicc**

Débogage

- Si le code nécessite un débogage, utiliser l'option **-g** de compilation.
- Débogage basique : « **print écran** »
- Outils de débogage :
 - **GDB** (Débogueur GNU) : **gdb**
 - **DDT** (Distributed Debugging Tool), très efficace en mode parallèle aussi
https://plafrim.bordeaux.inria.fr/doku.php?id=animation_scientifique:journées:2012_04_tools
- Une fois le processus de débogage terminé, enlever l'option **-g** car elle ralentit les temps d'exécution. On utilise souvent l'option de base d'optimisation **-O**

Post-traitement des données

Comment exploiter graphiquement ses résultats de calcul ?

- **Directement sur les machines develxx et bonoboxx ?**
 - **à déconseiller**
 - **car ces logiciels fonctionnent avec une interface graphique et ces machines ne possèdent pas des cartes graphiques puissantes => lenteur ou problème d'affichage depuis votre poste de travail distant**
 - **les logiciels graphiques quand il s'agit de faire du post-traitement sont installés sur ces machines uniquement comme palliatif à l'impossibilité d'un usage local sur votre poste de travail distant ou pour exploiter les moteurs de traitement sur des petits cas tests et non pas l'affichage graphique**

Post-traitement des données

- **Transférer et visualiser les résultats sur votre compte IMB ?**

- **à déconseiller**
- **car problème de taille de stockage des données**

- **Solution :**

visualiser directement à partir de son poste de travail distant en accédant à ces données à distance sans les recopier sur son compte IMB, avec la procédure [sshfs](#)

https://plafrim.bordeaux.inria.fr/doku.php?id=utilisation:faq:connexion#comment_acceder_a_ses_donnees_via_sshfs

Post-traitement des données

- Sur votre compte IMB, **sous /tmp** créer un dossier temporaire :

```
mkdir donnees
```

Ne pas créer ce dossier dans /home/imb/id_bdx

- Monter le répertoire qui contient vos données sur votre compte PlaFRIM, par exemple celles qui sont dans votre espace de travail /lustre/id_plafrim, en tapant la commande suivante **sous /tmp** :

```
sshfs -o uid=`id -u` id_plafrim@mygale:/lustre/id_plafrim/donneesyzy /tmp/donnees
```

- Sur votre compte IMB dans le répertoire /tmp/donnees toutes vos données /lustre/id_plafrim/donneesyzy sont **montées et non dupliquées**
- A la fin de votre travail, **sous /tmp** démonter le dossier :

```
fusermount -u /tmp/donneesyzy
```

Contacts PlaFRIM

- Pour toute question technique relative au compte, aux données, à un problème système, à une demande dans plafrim-dev :

plafrim-support@inria.fr

- Pour toute question technique relative à un logiciel ou l'utilisation d'une bibliothèque :

plafrim-users@inria.fr

Cette mailing liste contient la liste de tous les utilisateurs de PlaFRIM



Mésocentre de Calcul Intensif Aquitain (MCIA)

- <http://www.mcia.univ-bordeaux.fr> (site de présentation générale)
- **Direction Informatique, Université Bordeaux 1**
- **Objectif : mettre à disposition des laboratoires de recherche et des entreprises d'Aquitaine un plateau technique de qualité et un lieu d'échange d'expériences et de compétences dans le domaine du calcul intensif**



Mésocentre de Calcul Intensif Aquitain (MCIA)

- **Condition nécessaire pour avoir un compte MCIA : avoir un compte Bordeaux 1**

- **Demande de création de compte :**

<http://www.mcia.univ-bordeaux.fr/index.php?id=inscriptions>

- **Connection sur le cluster *avakas* avec l'identifiant et le mot de passe Université de Bordeaux** à partir de son compte IMB ou à partir de son compte PlaFRIM sur mygale :

```
ssh id_univbdx@avakas.mcia.univ-bordeaux.fr
```



Mésocentre de Calcul Intensif Aquitain (MCIA)

- <http://redmine.mcia.univ-bordeaux.fr> (site de description des ressources)
 - S'authentifier avec CAS avec son identifiant et mot de passe
 - Cluster de calcul *avakas* pour le **calcul** et la **visualisation déportée**
<http://redmine.mcia.univ-bordeaux.fr/projects/cluster-avakas/wiki>
 - Soumission en batch et chargement de modules
 - Poster un ticket en cas de problème
<http://redmine.mcia.univ-bordeaux.fr/projects/cluster-avakas/issues/new>

Institut du développement et des ressources en informatique scientifique (IDRIS)

- <http://www.idris.fr> (site de présentation générale)
- Condition nécessaire pour avoir un compte IDRIS : avoir un compte IMB
- Demande de création de compte :
<http://www.idris.fr/info/gestion/dari.html>
- Connections sur une machine IDRIS à partir de son compte IMB sur la **machine *fermat*** de l'IMB
`ssh fermat`



Centre Informatique National de l'Enseignement Supérieur (CINES)

- <http://www.cines.fr> (site de présentation générale)
- Etablissement public national, basé à Montpellier et placé sous la tutelle du Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche
- Condition nécessaire pour avoir un compte CINES : avoir un compte IMB



Centre Informatique National de l'Enseignement Supérieur (CINES)

- Demande de création de compte :

<http://www.cines.fr/spip.php?rubrique283>

- Cluster de calcul *jade*

<http://www.cines.fr/spip.php?rubrique291>

- Connections :

- à partir de son compte IMB sur la *machine fermat* de l'IMB

`ssh fermat`

- puis sur le cluster de calcul *jade* du CINES :

`ssh id_cines@jade.cines.fr`

Les ressources de calcul et leur utilisation

Supports de formation (présentation et TPs) :

<http://www.math.u-bordeaux1.fr/imb/cellule/spip.php?article247>



14 novembre 2014

Khodor KHADRA, Ingénieur de Recherche Calcul Scientifique