

RCCS計算機利用の注意点

bias5との比較を中心に

RCCSにおけるジョブ管理システム

全ての解析はジョブ管理システムを経由して実行すること

- 基本はPBSの仕様に従う
 - biasではPBSをそのまま採用していた
- RCCSではジョブ投入、ジョブ確認などに独自コマンドを採用している

コマンド対応表 bias5/RCCS ジョブ管理システム

bias5(PBS)コマンド	RCCSコマンド	説明
<code>qsub file_name</code>	<code>jsub file_name</code>	ジョブを投入する
<code>qstat -u my_account</code>	<code>jobinfo</code>	自分のジョブの状態を表示
<code>qstat -Q</code>	<code>jobinfo -s</code>	キュー/ジョブタイプの詳細を表示
<code>qstat</code>	<code>jobinfo -a</code>	全てのジョブを表示 (-g で同グループのみを表示)
<code>qdel jobID</code>	<code>jdel jobID</code>	指定したIDのジョブを削除
<code>qhold jobID</code>	<code>jhold jobID</code>	指定したIDの待機中ジョブを実行されないようにホールド
<code>qrls jobID</code>	<code>jrls jobID</code>	ホールド状態のジョブをリリース (実行待ち状態にする)
<code>tracejob jobID</code>	<code>joblog</code>	終了したジョブの履歴を表示 (CPU点数も表示)

ジョブスクリプトの書き方

biasと全く同じ書き方では
うまく動きません！

• 同じ点

- 実行したいコマンドをシェルスクリプトに書く

• 異なる点

- リソース指定の仕方

biasでのスクリプト例

```
#!/bin/bash
```

```
#PBS -q medium
```

```
#PBS -l mem=8Gb
```

```
#PBS -l ncpus=12
```

```
cd ${PBS_O_WORKDIR}
```

```
diamond blastp --db spo.dmnd --out sce.tab --thread 12 --query myprot.fasta
```

ジョブスクリプトにおけるリソース指定の書き方

- RCCSではキュー名の指定はなく、指定されたリソース量によって投入先ノードが変わる
- **#PBS -l** に続けて「:」で区切りながらリソースを指定する
- `mem=` で総メモリ量の指定はできない

```
#!/bin/bash
#PBS -l select=1:ncpus=12:mpiprocs=1:ompthreads=12
#PBS -l walltime=4:00:00
source /apl/bio/etc/bio.sh
module load diamond
cd ${PBS_O_WORKDIR}
diamond blastp --db spo.dmnd --out sce.tab --outfmt 6 --query sce_prot.fasta
```

RCCS用スクリプト例

ジョブスクリプトにおけるリソース指定の書き方

```
#!/bin/bash
#PBS -l select=1:ncpus=12:mpiprocs=1:ompthreads=12
#PBS -l walltime=4:00:00
```

- 必ず指定するリソース

- ノード数 : **select=**

1ノードで実行する

- ノードあたりのコア数 : **ncpus=**

12コアを使う

- ノードあたりのプロセス数 : **mpiprocs=**

プロセスは1つ

- プロセスあたりのスレッド数 : **ompthreads=**

12スレッドで実行する

- 計算時間(制限) (時間):(分):(秒) : **walltime=**

最大計算時間は4時間

ompthreads = ncpus x mpiprocs であること

ジョブスクリプトにおけるリソース指定の書き方

- 必要に応じて指定するリソース

- ジョブタイプ : **jobtype=**

```
#!/bin/bash  
#PBS -l select=1:ncpus=64:mpiprocs=1:ompthreads=64:jobtype=largemem
```

- 大容量メモリ(256Gb以上)を使いたい場合

7.785Gb x 64 = 504Gbメモリ

- ノードあたりのGPU数 : **ngpus=**

```
#!/bin/bash  
#PBS -l select=1:ncpus=128:mpiprocs=1:ompthreads=128:ngpus=8
```

- GPUを使いたい場合

8GPU, 128コア

ジョブ実行: jsub

- シェルスクリプトを作成

```
#!/bin/sh
#PBS -l select=1:ncpus=12:mpiprocs=1:ompthreads=12
#PBS -l walltime=4:00:00
diamond blastp --db spo.dmnd --out sce.tab --outfmt 6 --query sce_prot.fasta
```

my_script.sh

- jsubコマンドにシェルスクリプトのファイルを渡して実行

```
$ jsub my_script.sh
6439875.ccpbs1
```

キューは今のところ一種類「H」
jobtypeは「c」

- jobinfo でジョブの実行状況を確認

```
$ jobinfo
```

Queue	Job ID	Name	Status	CPUs	User/Grp	Elaps	Node/(Reason)
H(c)	6439875	test.sh	Run	4	ebv/zo0	0:00:20	ccc147

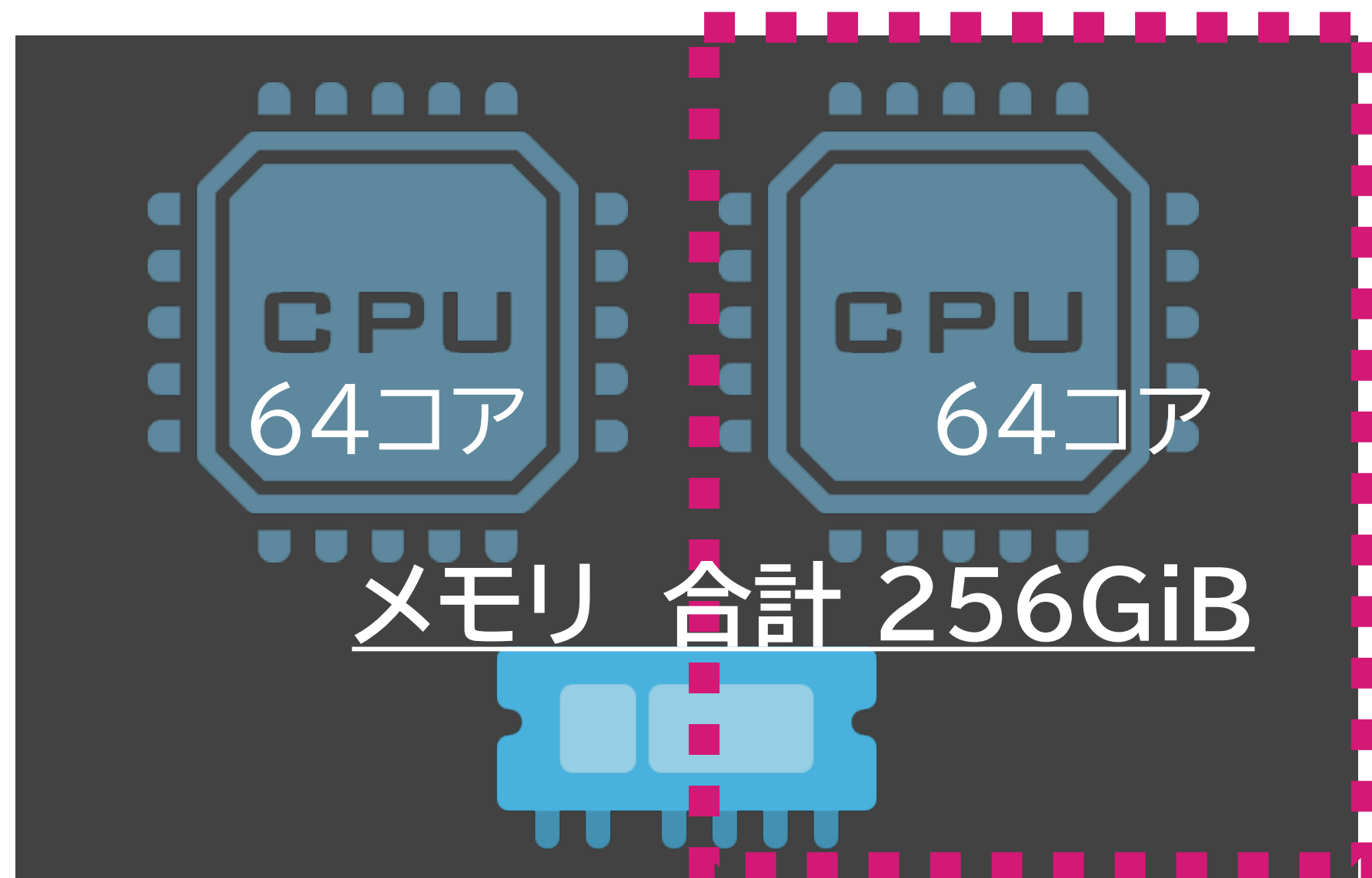
jobtype= ジョブタイプについて

jobtype	計算ノード	メモリ/ コア	利用単位	1ジョブあたりの制限	特徴
largemem	TypeF	7.875 Gb	vnode/ ノード	1~14 vnode(s) (64~896コア) (ncpus=64 or 128)	大容量メモリ 1/2ノード(1vnode) 以上占有
vnode	TypeC	1.875 Gb	vnode/ ノード	1~50 vnode(s) (64~3,200コア) (ncpus=64 or 128)	1/2ノード(1vnode) 以上占有
core	TypeC	1.875 Gb	コア	1~63 コア (ncpus<64)	64コア以下 総メモリ118Gb以下
gpu	TypeG	1.875 Gb	コア	1~48 GPU, 1~16 コア/GPU (ngpus>0)	GPU利用

- largemem 以外の jobtype は指定されたリソースより判定可能なため省略可
- 使えるメモリ量は、指定コア数 x 計算ノードタイプのコア当たりのメモリ量

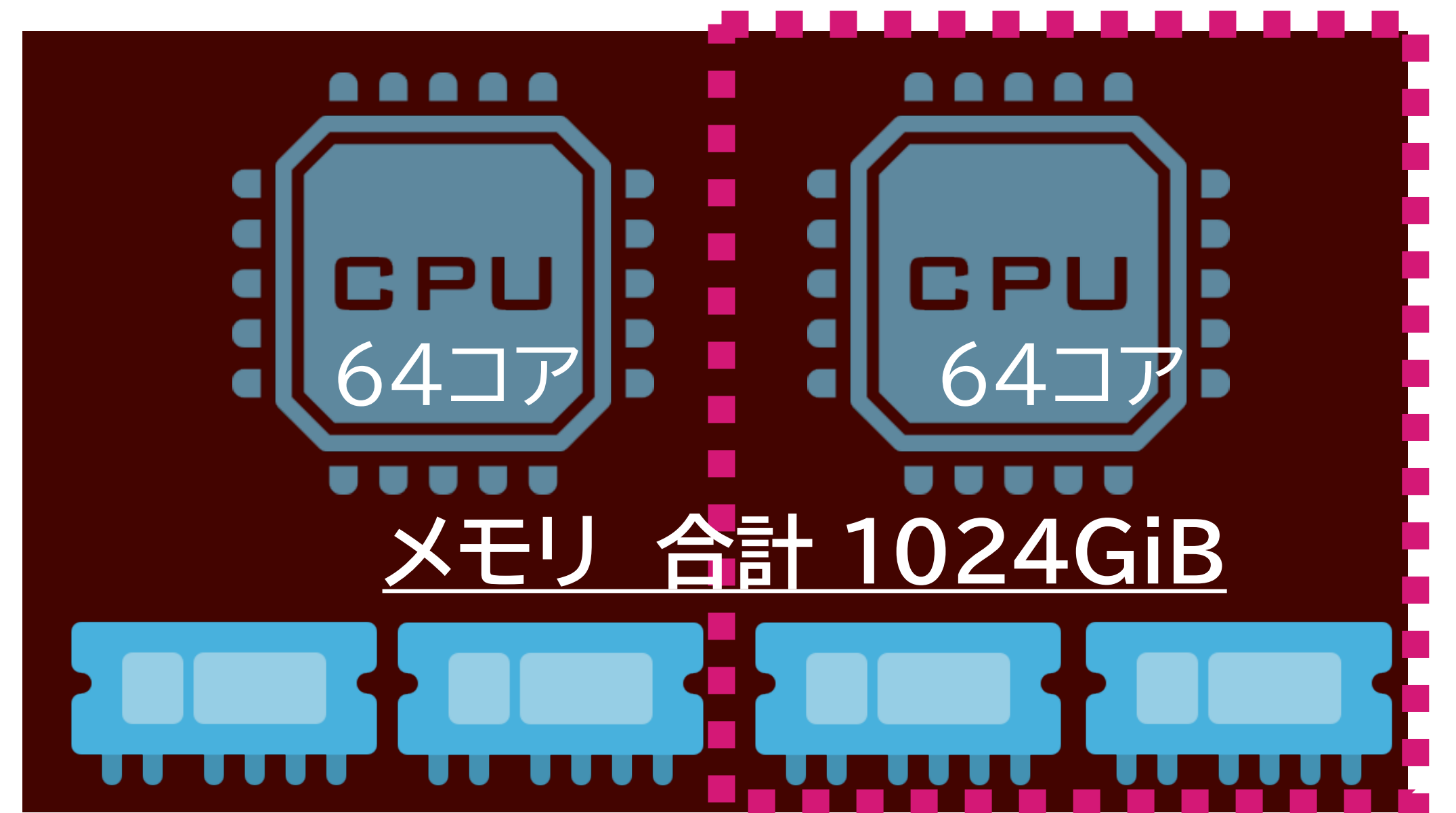
ノードタイプとジョブタイプ

TypeC 804台
jobtype : **core / vnode**



Vノード (1/2ノード)
jobtype=vnode で使われる単位

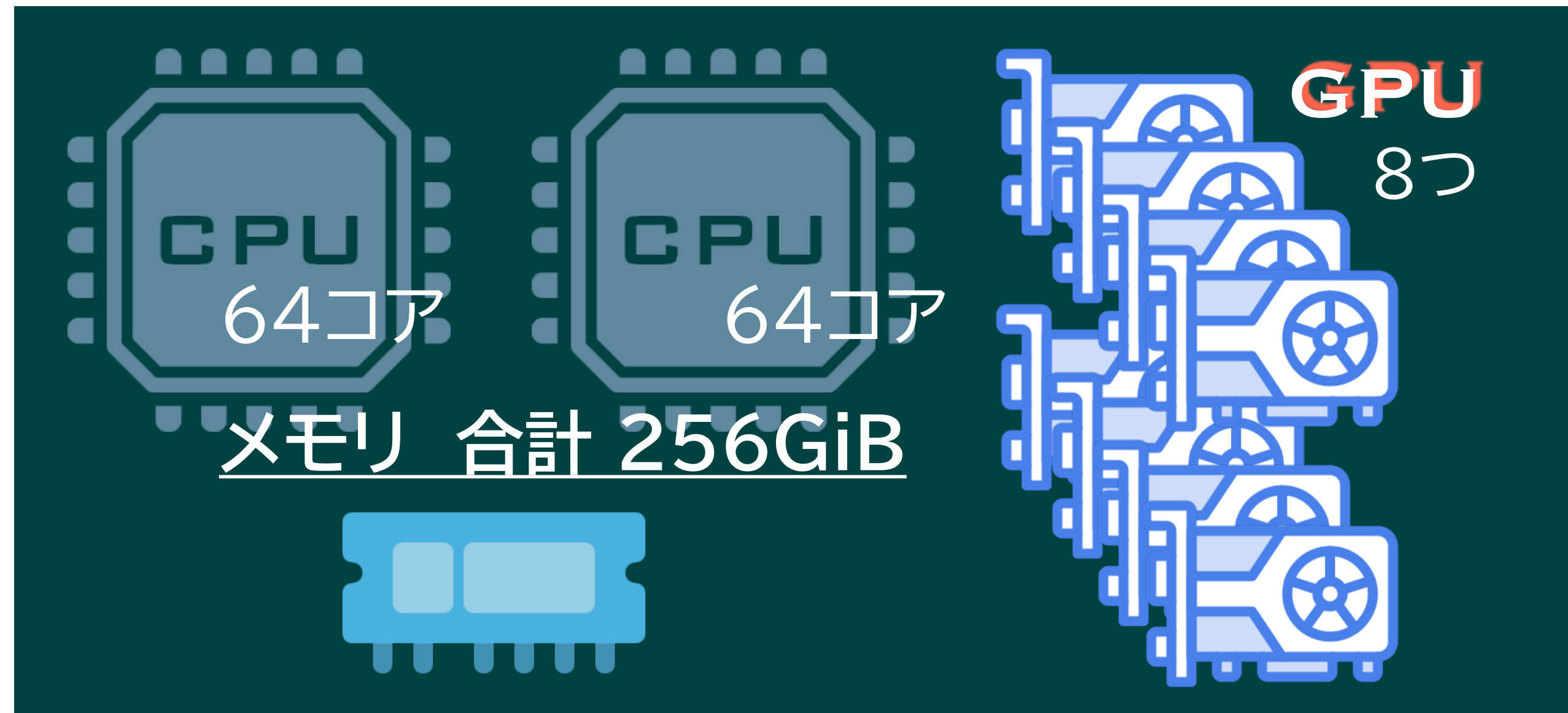
TypeF 14台
jobtype : **largemem**



Vノード (1/2ノード)

ノードタイプとジョブタイプ

TypeG 16台
jobtype : **gpu**



1ノードに
8GPU+128CPUコア
1GPUあたり16コア

参考:

- 分子生物学アプリケーションにおいて、複数プロセス立ち上げや、複数マシンにまたがった計算を行えるものは非常に少ない
 - `select>1` の指定が有効なアプリケーションはほとんどない
- 複数ノード指定が有効なのは、物理マシンをまたがって並列計算できるアプリケーション (MPI等を使う)のみ
- PBSによって制限されたメモリを超えて使おうとして、PBSによりジョブが強制終了されることはない(biasとの相違点)
 - アプリケーション上で足りなくなると落ちることはある
- 指定したwalltime以内に終わらないとPBSによって強制終了

CPU点数

jobtype	CPU キュー係数	GPU キュー係数
largemem	60 点 / (1vnode * 1 時間)	-
vnode	45 点 / (1vnode * 1 時間)	-
core	1 点 / (1コア * 1 時間)	-
gpu	1 点 / (1コア * 1 時間)	60 点 / (1GPU * 1 時間)

- 消費点数は実際のジョブ実行時間で計算される。 walltimeではない

リソースの指定とCPU点数計算例

- diamond blastx:nr検索、クエリDNA配列:96,706件、クエリファイルサイズ183MB
- 1ノード、16コア指定
- jobtype: **core**

#PBS select=1:ncpus=16:mpiprocs=1:ompthreads=16

- 所要時間: 73:54:05、typeCノードで実行された
- 消費点数: 1点 x 16コア x 73.9時間 = 1,182点

リソースの指定とCPU点数計算例2

- InterProScan クエリDNA配列:115,079件、クエリファイルサイズ227MB
- 1ノード、64コア指定(1 vnode)
- **jobtype: largemem**

#PBS select=1:ncpus=64:mpiprocs=1:ompthreads=64:jobtype=largemem

- 所要時間: 16:30:22、typeFノードで実行された
- 消費点数: 60点 x 1vnode x 16.5時間 = 990点

残りCPU点数の確認

- これまでにグループで消費したCPU点数を表示

```
$ showlim -c
```

- これまでにグループで消費したCPU点数をメンバーごとに表示

```
$ showlim -c -m
```

- 過去のジョブが消費してきた点数を表示

```
$ joblog
```


アレイジョブ

- オプション **#PBS -J** 開始番号-終了番号
- ジョブファイル中で変数 **\${PBS_ARRAY_INDEX}** に番号がセットされ、インクリメントしながら回数分実行される

```
#!/bin/sh
#PBS -J 1-5
#PBS -l select=1:ncpus=4:mpiprocs=1:ompthreads=4
#PBS -l walltime=4:00:00

diamond blastx --threads ${NCPUS} --db nr --outfmt 6 \
  --query ./my.${PBS_ARRAY_INDEX}.fa --out ./out.${PBS_ARRAY_INDEX}.tab
```

- 上記は4コアジョブが5回サブミットされたのと同じ
- 消費点数は5つのジョブそれぞれがかかった時間に依存する
- あまり細かく分割しないこと（大量サブミットしたユーザのジョブは実行が遅れる）

アレイジョブ

```
$ jobinfo
```

```
-----  
Queue      Job ID Name                Status CPUs User/Grp           Elaps Node/(Reason)  
-----  
H(c)      6441620[] test_array.sh  Array      4  ebv/zo0           0:11:39  
H(c)      6441620[1] test_array.sh  Run        4  ebv/zo0           0:10:17 ccc035  
H(c)      6441620[2] test_array.sh  Run        4  ebv/zo0           0:10:16 ccc035  
H(c)      6441620[3] test_array.sh  Run        4  ebv/zo0           0:10:17 ccc035  
H(c)      6441620[4] test_array.sh  X          4  ebv/zo0           0:00:04 ccc039  
H(c)      6441620[5] test_array.sh  X          4  ebv/zo0           0:00:04 ccc039  
-----
```

ストレージについて

- 1メンバーあたり500Gb
- それ以上が必要な場合は申請時にその理由を記載
- CPU点数、ディスク容量の追加申請も可能
- グループメンバーのストレージ使用量と残量を表示

```
$ showlim -d -m
```

一時ファイルのためのディレクトリ

- 原則として /tmp, /var/tmp, /dev/shm の一時ディレクトリの使用は禁止
- jsubジョブ実行では、環境変数 $\${TMPDIR}$ が自動で上記以外に設定されている
- 書き込み可能容量 : 11.9Gb/コア
 - 不足する場合は、コア数を増やす
- biasにおける /scratch のように使える領域はありません

▶ 定期メンテナンス

▶ 報告書

- メンテナンス等の最新情報は【RCCS】メールニュース を参照のこと
- メンテナンス日は(9:00～17:00)ログインできない
 - 現在は偶数月の1日
 - 不定期に変更あり
- 年度の変わり目ごとに報告書を提出すること
- 2024年6月1日締切

情報の在処など

- 計算科学研究センター(RCCS) Webサイト

<https://ccportal.ims.ac.jp/>

- 基生研が編集している移行情報wiki

<https://biaswiki.nibb.ac.jp/menu/index.php/RCCS>

- 基礎生物学分野利用に関するお問い合わせ先

support@nibb.ac.jp