

Schnur, Benedikt

Von: Dr. Marc Sturm <Marc.Sturm@med.uni-tuebingen.de>
Gesendet: Mittwoch, 4. Januar 2023 12:24
An: Schnur, Benedikt
Cc: Hofmann, Winfried Dr.; Schmidt, Gunnar Dr.
Betreff: AW: megSAP SeqPurge Threads

Hi Benedikt,

ja, ich habe es bei n-2 gelassen, weil die IO-Threads nicht immer 100% brauchen.

Mit dem aktuellen master von megSAP wären es bei 15 Threads 3 für IO und 12 für die Prozessierung. Mehr als 12 Threads macht es eher langsamer als schneller, daher ist das das neue Maximum.

Viele Grüße,
Marc

Von: Schnur.Benedikt@mh-hannover.de <Schnur.Benedikt@mh-hannover.de>
Gesendet: Mittwoch, 4. Januar 2023 10:12
An: Dr. Marc Sturm
Cc: Hofmann.Winfried@mh-hannover.de; Schmidt.Gunnar@mh-hannover.de
Betreff: AW: megSAP SeqPurge Threads

Hallo Marc,

danke für die Info. Habe ich in der SeqPurge Beschreibung jetzt auch nachgelesen. Etwas un-intuitiv. 😊

Damit wäre ich dann bei 9 Threads für den darunterliegenden analyze.php Aufruf (zumindest aktuell) und dann später mal 13, richtig?

Liebe Grüße
Benedikt

--

Benedikt Schnur
IT-Projektmanager
Institut für Humangenetik
Medizinische Hochschule Hannover (MHH)
OE 6300, Carl-Neuberg-Str. 1, 30625 Hannover, Deutschland
[Tel.: +49 511 532-32583](tel:+49511532-32583)
schnur.benedikt@mh-hannover.de
<https://www.mhh.de/humangenetik>

Von: Dr. Marc Sturm <Marc.Sturm@med.uni-tuebingen.de>
Gesendet: Dienstag, 3. Januar 2023 18:39
An: Schnur, Benedikt <Schnur.Benedikt@mh-hannover.de>
Cc: Hofmann, Winfried Dr. <Hofmann.Winfried@mh-hannover.de>; Schmidt, Gunnar Dr. <Schmidt.Gunnar@mh-hannover.de>
Betreff: AW: megSAP SeqPurge Threads

Hi Benedikt,

weil 2 Threads für Read/Write benutzt werden, also bleiben n-2 für die eigentlich Prozessierung der Reads. Mittlerweile sind es sogar 3 Threads (1xR, 2xW), weil das Schreiben der zwei Outputdateien auch parallel läuft.

Aber die obere Grenze muss ich noch anheben - 6 ist da zu niedrig.
Es skaliert jetzt glaube bis ca 10 linear.

Viele Grüße,
Marc

Von: Schnur.Benedikt@mh-hannover.de <Schnur.Benedikt@mh-hannover.de>
Gesendet: Dienstag, 3. Januar 2023 15:01
An: Dr. Marc Sturm
Cc: Hofmann.Winfried@mh-hannover.de; Schmidt.Gunnar@mh-hannover.de
Betreff: megSAP SeqPurge Threads

Hallo Marc,

kurze Verständnisfrage weil es mir eben im Log aufgefallen ist und ich dann im Code nachgeforscht habe:
Warum nutzt `seqpurge` nicht den an `analyze.php` übergebenen Wert für `threads` sondern 2 weniger
(<https://github.com/imgag/megSAP/blob/master/src/Pipelines/mapping.php#L118>)?

Liebe Grüße und frohes neues Jahr
Benedikt

--

Benedikt Schnur
IT-Projektmanager
Institut für Humangenetik
Medizinische Hochschule Hannover (MHH)
OE 6300, Carl-Neuberg-Str. 1, 30625 Hannover, Deutschland
[Tel.: +49 511 532-32583](tel:+4951153232583)
schnur.benedikt@mh-hannover.de
<https://www.mhh.de/humangenetik>