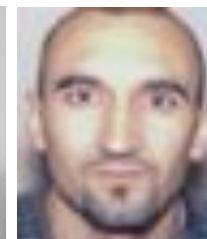
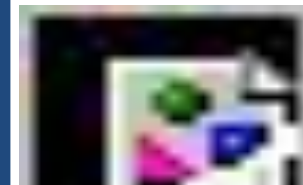
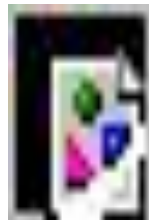


# Session de formation 2018



- 12 Mars** Guide de survie à Linux : les commandes de base pour débuter sur un serveur linux
- 13 Mars** Linux avancé : manipuler et filtrer des fichiers sans connaissance de programmation
- 15 Mars** **Initiation à l'utilisation du cluster bioinformatique itrop**
- 23 Mars** Initiation aux gestionnaires de workflow South Green: Galaxy ou TOGGLE
- 26 Mars** Initiation aux analyses de données transcriptomiques
- 05 Avril** Initiation à git





Institut de Recherche  
pour le Développement

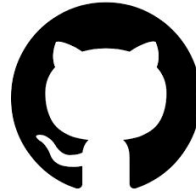
**South Green**  
bioinformatics platform



plateau i-trop



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



<https://github.com/SouthGreenPlatform>



***The South Green portal: a comprehensive resource for tropical and Mediterranean crop genomics***, Current Plant Biology, 2016

# Session de formation 2018



- Toutes nos formations :  
<https://southgreenplatform.github.io/trainings/>
- Topo & TP : [HPC IRD](#)
- Environnement de travail : [Logiciels à installer](#)

# Initiation HPC cluster

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

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



## Objectif

Acquérir les bonnes pratiques pour utiliser le cluster de calcul Itrop !

## Applications

- Connaître l'architecture du cluster
- Connaître le rôle des différentes partitions
- Utiliser SGE ( qusb, qrsh, qhost, qacct, qstat, qqdel)
- Utiliser les modules environment
- Faire du scripting de base

# ARCHITECTURE



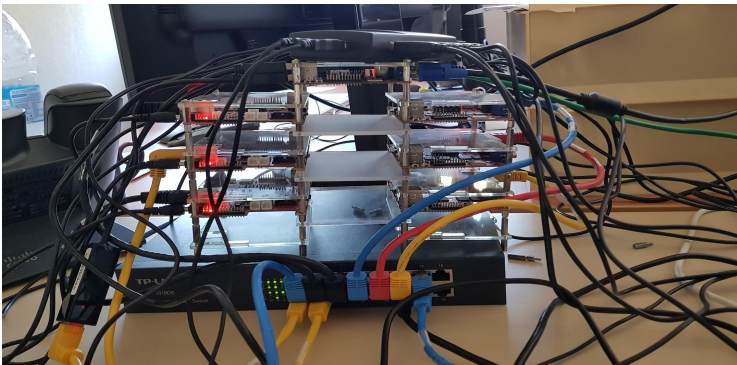
- Un cluster est une unité logique constituée de plusieurs serveurs
- Agit comme une unique machine puissante
- Permet d'obtenir une puissance de calcul élevée
- Une plus grande capacité de stockage
- Une fiabilité supérieure
- Une plus grande disponibilité des ressources

- Un cluster est une unité logique constituée de plusieurs serveurs
- Agit comme une unique machine puissante
- Permet d'obtenir une puissance de calcul élevée
- Une plus grande capacité de stockage
- Une fiabilité supérieure
- Une plus grande disponibilité des ressources



# Qu'est ce qu'un cluster?

- Un cluster est une unité logique constituée de plusieurs serveurs
- Agit comme une unique machine puissante
- Permet d'obtenir une puissance de calcul élevée
- Une plus grande capacité de stockage
- Une fiabilité supérieure
- Une plus grande disponibilité des ressources



- Nœud maître : Ordonnanceur.  
Gère les ressources et les priorités des jobs
- Nœuds de calcul : Ressources (CPU ou mémoire RAM) utilisées par le master

CALCUL



- Nœud maître : Ordonnanceur.  
Gère les ressources et les priorités des jobs
- Nœuds de calcul : Ressources (CPU ou mémoire RAM) utilisées par le master
- Serveur(s) NAS :  
Stockent les données utilisateurs et les résultats d'analyses

CALCUL



STOCKAGE





**bioinfo-master**  
**.ird.fr**  
**91.203.34.148**

Rôle : Lancer et prioriser les jobs sur les nœuds de calcul

Accessible depuis Internet

Connexion : `ssh login@bioinfo-master.ird.fr`



**bioinfo-master.  
ird.fr**  
**91.203.34.148**

Rôle : Lancer et prioriser les jobs sur les nœuds de calcul

Accessible depuis Internet

Connexion : ssh login@bioinfo-master.ird.fr



**22 noeuds  
avec  
bioinfo-inter.ir  
d.fr**  
**91.203.34.150**

Rôle : Utilisés par le maître pour exécuter des jobs

Pas accessibles depuis Internet

node0 à node22

Noeud interactif : bioinfo-inter.ird.fr

Connexion : ssh login@bioinfo-inter.ird.fr





**bioinfo-master.  
ird.fr**  
**91.203.34.148**

Rôle : Lancer et prioriser les jobs sur les nœuds de calcul

Accessible depuis Internet

Connexion : `ssh login@bioinfo-master.ird.fr`



**22 noeuds  
avec  
bioinfo-inter.ird.  
fr**  
**91.203.34.150**

Rôle : Utilisés par le maître pour exécuter des jobs

Pas accessibles depuis Internet

node0 à node22

Noeud interactif : `bioinfo-inter.ird.fr`

Connexion : `ssh login@bioinfo-inter.ird.fr`



**bioinfo-nas3.ird.fr**  
**91.203.34.180**



Rôle : Stocker les données utilisateurs

Accessibles depuis Internet

Connexion : `filezilla` ou `scp`

**bioinfo-nas.ird.fr**  
**91.203.34.157**

**bioinfo-nas2.ird.fr**  
**91.203.34.160**



/home : Votre répertoire personnel  
Quota 100Go  
Hébergée sur : [bioinfo-nas.ird.fr](http://bioinfo-nas.ird.fr)  
Partagée sur toutes les machines

/teams : Données projet partagées  
entre plusieurs utilisateurs  
d'une même équipe  
Quota 200Go  
Hébergée sur : [bioinfo-nas.ird.fr](http://bioinfo-nas.ird.fr)  
Partagée sur toutes les machines

/data2 : Données projet partagées  
entre plusieurs utilisateurs  
Quota 500Go à 1To  
Hébergée sur : [bioinfo-nas.ird.fr](http://bioinfo-nas.ird.fr)  
Partagée sur toutes les machines

/home : Votre répertoire personnel  
Quota 100Go  
Hébergée sur : [bioinfo-nas.ird.fr](http://bioinfo-nas.ird.fr)  
Partagée sur toutes les machines

/data : Données projet partagées  
entre plusieurs utilisateurs  
Quota 500Go à 1To  
Hébergée sur : [bioinfo-nas2.ird.fr](http://bioinfo-nas2.ird.fr)  
Partagée sur toutes les machines

/team : Données projet partagées  
entre plusieurs utilisateurs  
d'une même équipe  
Quota 200Go  
Hébergée sur : [bioinfo-nas.ird.fr](http://bioinfo-nas.ird.fr)  
Partagée sur toutes les machines

/data3 : Données projet partagées  
entre plusieurs utilisateurs  
Quota 500Go à 1To  
Hébergée sur : [bioinfo-nas3.ird.fr](http://bioinfo-nas3.ird.fr)  
Partagée sur toutes les machines

/data2 : Données projet partagées  
entre plusieurs utilisateurs  
Quota 500Go à 1To  
Hébergée sur : [bioinfo-nas.ird.fr](http://bioinfo-nas.ird.fr)  
Partagée sur toutes les machines

/home : Votre répertoire personnel  
Quota 100Go  
Hébergée sur : [bioinfo-nas.ird.fr](http://bioinfo-nas.ird.fr)  
Partagée sur toutes les machines

/data : Données projet partagées  
entre plusieurs utilisateurs  
Quota 500Go à 1To  
Hébergée sur : [bioinfo-nas2.ird.fr](http://bioinfo-nas2.ird.fr)  
Partagée sur toutes les machines

/team : Données projet partagées  
entre plusieurs utilisateurs  
d'une même équipe  
Quota 200Go  
Hébergée sur : [bioinfo-nas.ird.fr](http://bioinfo-nas.ird.fr)  
Partagée sur toutes les machines

/data3 : Données projet partagées  
entre plusieurs utilisateurs  
Quota 500Go à 1To  
Hébergée sur : [bioinfo-nas3.ird.fr](http://bioinfo-nas3.ird.fr)  
Partagée sur toutes les machines

/data2 : Données projet partagées  
entre plusieurs utilisateurs  
Quota 500Go to 1To  
Hébergée sur : [bioinfo-nas.ird.fr](http://bioinfo-nas.ird.fr)  
Partagée sur toutes les machines

/scratch : Répertoire temporaire de travail  
1To à 5To  
Hébergée sur : **chaque noeud**  
Pas partagée mais uniquement en local  
Données conservées **3 semaines**



# SUN GRID ENGINE (SGE)

- SGE (SUN Grid Engine) est un gestionnaire de ressources de calcul sous linux, capable de gérer de deux à des milliers de serveurs et des centaines de clusters de plusieurs nœuds à la fois.
- Un outil opensource
- 3 fonctions principales :
  - Alloue les ressources (CPU,RAM) aux utilisateurs pour qu'ils puissent lancer leurs analyses
  - Fournit un cadre pour lancer,exécuter et monitorer les jobs sur l'ensemble des nœuds alloués
  - Gère la priorité des jobs en file d'attente

Bioinfo.q : queue par défaut  
Noeuds: node2, node8, node9, node10,  
node11,node12,node13,  
,node14,node15,node16,node17,  
node19,node20  
RAM: de 48Go à 64Go  
Coeurs: de 12 à 20 coeurs

~~dynadiv.q : priorité pour l'équipe  
dynadiv~~

Noeuds: node2, node10  
RAM: 48Go  
Coeurs: 12 coeurs

**/scratch de 5To pour node10**

dynadiv2.q : priorité pour thomas  
Couvreur  
Noeuds: node20  
RAM: 64Go  
Coeurs: 20 coeurs

smrtportal.q : priorité pour le logiciel  
smrtportal  
Noeuds: node17, node18  
RAM: 64Go  
Coeurs: 12 coeurs

alizon.q : priorité pour l'équipe de  
samuel Alizon  
Noeuds: node8, node9, node12  
RAM: 48Go  
Coeurs: 12 coeurs

Bioinfo.q : queue par défaut  
Noeuds: node2, node8, node9, node10,  
node11,node12,node13,  
,node14,node15,node16,node17,  
node19,node20  
RAM: de 48Go à 64Go  
Cœurs: de 12 à 20 cœurs

~~dynadiv.q : priorité pour l'équipe~~  
dynadiv  
Noeuds: node2, node10  
RAM: 48Go  
Cœurs: 12 cœurs  
**/scratch de 5To pour node10**

dynadiv2.q : priorité pour thomas  
Couvreur  
Noeuds: node20  
RAM: 64Go  
Cœurs: 20 cœurs

smrtportal.q : priorité pour le logiciel  
smrtportal  
Noeuds: node17, node18  
RAM: 64Go  
Cœurs: 12 cœurs

alizon.q : priorité pour l'équipe de  
samuel Alizon  
Noeuds: node8, node9, node12  
RAM: 48Go  
Cœurs: 12 cœurs

r900.q : queue avec noeud **DELL**  
Noeuds: node5, node21  
RAM: 32Go  
Cœurs: 16 cœurs

longjob.q : jobs longs ou > à 10 jobs  
Noeuds: node0, node1, node11  
RAM: 48Go  
Cœurs: 12 cœurs

bigmem.q : besoin de mémoire  
Noeuds: node3  
RAM: 96Go  
Cœurs: 12 cœurs

highmem.q : besoin de mémoire  
Noeuds: node4 et node7  
RAM: 144Go  
Cœurs: 12 cœurs

## Actions

- Réserver un coeur sur un nœud de manière interactive
- Réserver un coeur sur un noeud en particulier
- Réserver X coeur sur un noeud

## Commandes

**\$ qrsh**

**\$ qrsh -l hostname=nodeX**

Avec X le numéro du noeud

**\$~ qrsh -pe ompi X**

Avec X : le nombre de processeurs de 0 à 12



## Actions

- Lancer un script en mode batch
- Propager l'environnement chargé au noeud
- Donner un nom à votre job
- Utiliser plusieurs processeurs
- Demander un certain montant de RAM
- Demander un noeud en particulier
- Lancer directement une commande avec qsub

## Commandes

**`$qsub + script.sh`**

**`$qsub -V script.sh`**

**`$~ qsub -N job_name script.sh`**

**`$~ qsub -pe ompi X script.sh`**

**Avec X le nombre de coeurs à utiliser**

**`$~ qsub -l mem_free=XG script.sh`**

**Avec X le montant de mémoire à réserver**

**`$~ qsub -l hostname=nodeX script.sh`**

**`$~ qsub -b y command`**

## Actions

- Informations sur l'état des noeuds
- Voir ses jobs en cours
- Informations sur les jobs lancés
- Informations sur les jobs terminés
- Informations globales sur les queues

## Commandes

**\$ qhost**

**\$~ qstat**

**\$~ qstat -j <JOB\_ID>**

With JOB\_ID :the job number

**\$~ qacct -j <JOB\_ID>**

With JOB\_ID :the job number

**\$~ qstat -g c**

## Actions

- Suppression d'un job

## Commandes

`$~ qdel <JOB_ID>`

avec JOB\_ID : l'identifiant du job

1

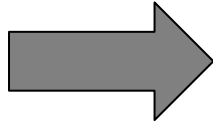


**TP: Lancer une analyse blast  
de manière interactive**

Transfert de  
données  
depuis  
Ordinateur  
personnel  
vers les  
serveurs  
nas

**Etape 1**

Transfert de  
données  
depuis  
Ordinateur  
personnel  
vers les  
serveurs  
nas



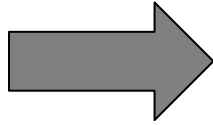
Connexion à  
bioinfo-mas  
ter.ird.fr et  
réservation  
de  
ressources

**Etape 1**

**Etape 2**

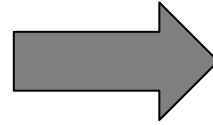
Transfert de données depuis Ordinateur personnel vers les serveurs nas

**Etape 1**



Connexion à bioinfo-master.ird.fr et réservation de ressources

**Etape 2**



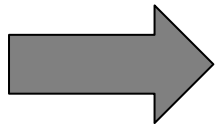
Création du répertoire d'analyse /scratch dans le noeud réservé

**Etape 3**

# Etapes d'une analyse sur le cluster

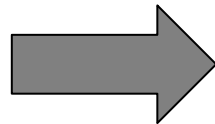
Transfert de données depuis Ordinateur personnel vers les serveurs nas

**Etape 1**



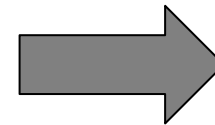
Connexion à bioinfo-master.ird.fr et réservation de ressources

**Etape 2**



Création du répertoire d'analyse /scratch dans le noeud réservé

**Etape 3**



Transfert des données depuis les nas vers le /scratch du noeud

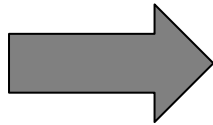
**Etape 4**



# Etapes d'une analyse sur le cluster

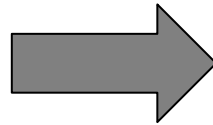
Transfert de données depuis Ordinateur personnel vers les serveurs nas

**Etape 1**



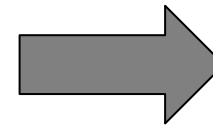
Connexion à bioinfo-master.ird.fr et réservation de ressources

**Etape 2**



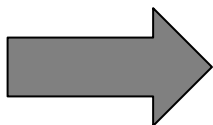
Création du répertoire d'analyse /scratch dans le noeud réservé

**Etape 3**



Transfert des données depuis les nas vers le /scratch du noeud

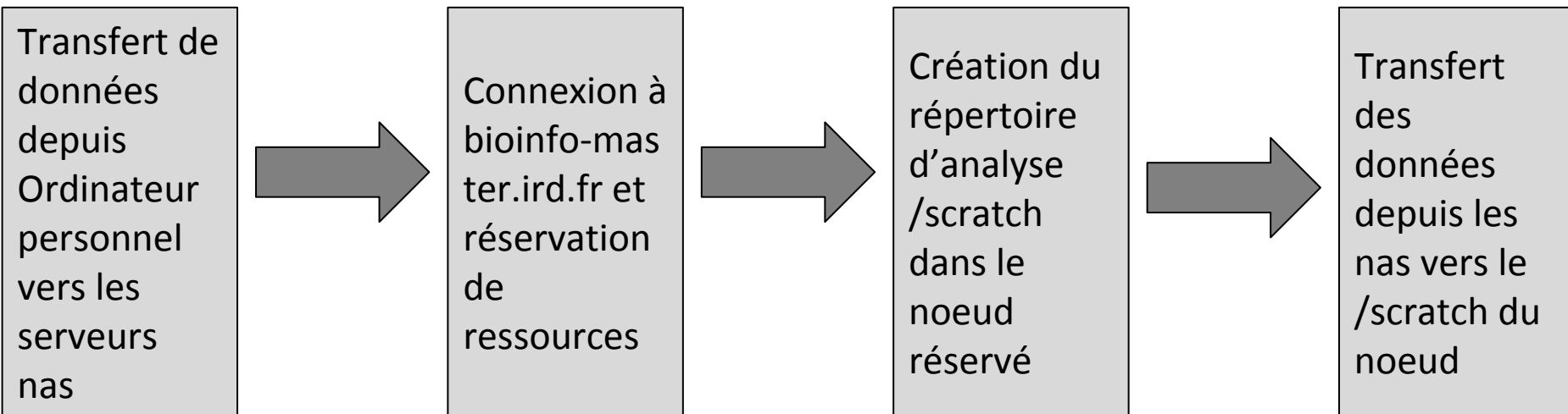
**Etape 4**



Lancer les analyses sur les données

**Etape 5**

# Etapes d'une analyse sur le cluster

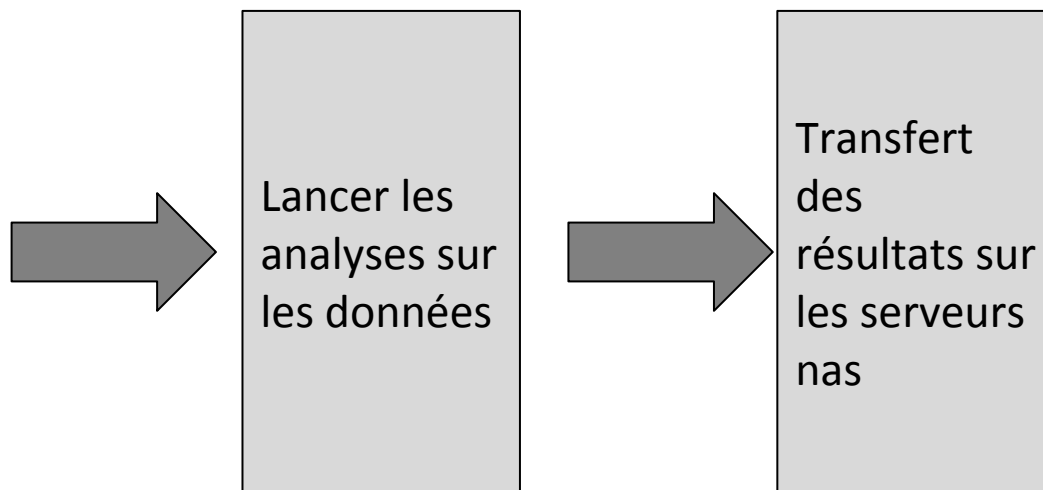


**Etape 1**

**Etape 2**

**Etape 3**

**Etape 4**



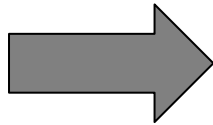
**Etape 5**

**Etape 6**

# Etapes d'une analyse sur le cluster

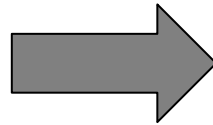
Transfert de données depuis Ordinateur personnel vers les serveurs nas

**Etape 1**



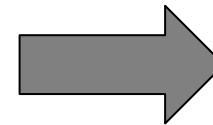
Connexion à bioinfo-master.ird.fr et réservation de ressources

**Etape 2**



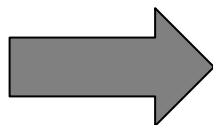
Création du répertoire d'analyse /scratch dans le noeud réservé

**Etape 3**



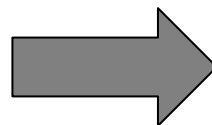
Transfert des données depuis les nas vers le /scratch du noeud

**Etape 4**



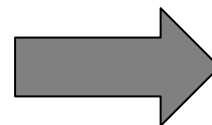
Lancer les analyses sur les données

**Etape 5**



Transfert des résultats sur les serveurs nas

**Etape 6**

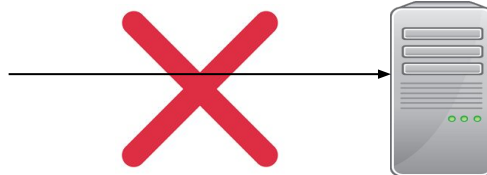


Suppression Du répertoire d'analyse sur le /scratch

**Etape 7**



Ordinateur  
personnel

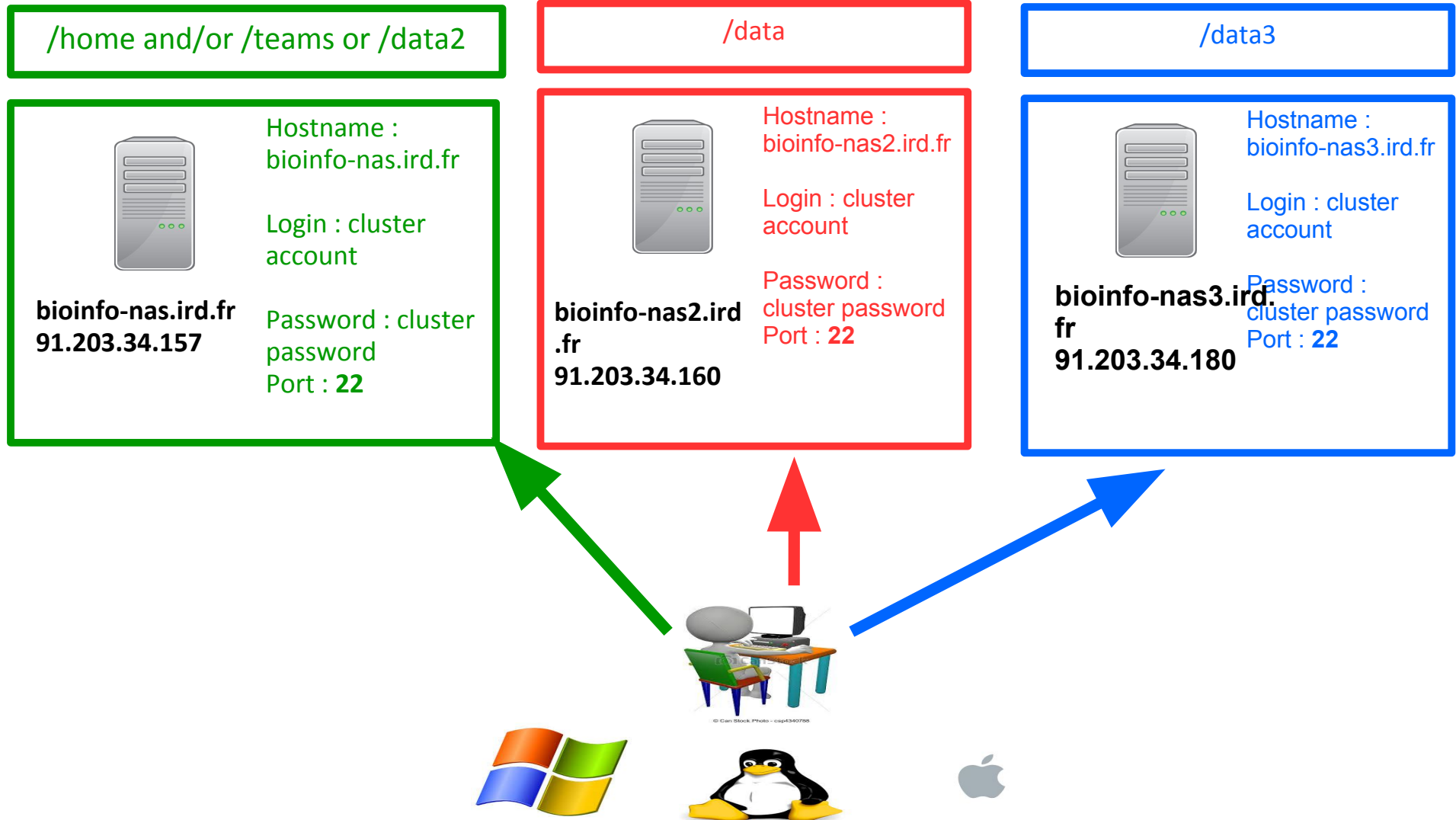


**Transfert direct  
via filezilla  
interdit**



**bioinfo-master.ird.fr  
91.203.34.148**

# Transferts de données sur le cluster itrop



Ouvrir filezilla et récupérer le fichier « HPC\_french.pdf »  
dans /data/projects/tp-cluster/training\_2018

Ouvrir filezilla et récupérer le fichier « HPC\_french.pdf »  
dans /data/projects/tp-cluster/training\_2018

Renseigner les paramètres suivants :

Hostname : **bioinfo-nas2.ird.fr**

Login : votre login

Mot de passe : votre login

Port :**22**

Naviguer dans la fenêtre de droite jusqu'à /data/projects/tp-cluster/training\_2018  
Récupérer le fichier HPC\_french.pdf en faisant un glisser-déposer

# Connexion au cluster itrop

## Launch scripts to several nodes



**bioinfo-master.ird.fr**  
**91.203.34.148**

Use the  
qsub  
command

Hostname :  
bioinfo-master.ird.f  
r

Login : cluster  
account

Password : cluster  
password  
Port : 22

## Test your script(s)



**bioinfo-inter.ird.fr**  
**91.203.34.150**

Hostname :  
bioinfo-inter.ird.fr

Login : cluster  
account

Password : cluster  
password

Port : 22

Or use the qssh command on  
bioinfo-master.ird.fr



With Putty  
Use parameters above



© Can Stock Photo - csp4340788



With terminal  
Use the ssh command



Se connecter à bioinfo-master.ird.fr via ssh

Taper :

\$~ssh [login@bioinfo-master.ird.fr](mailto:login@bioinfo-master.ird.fr) sur Apple ou Linux

Sous windows : télécharger Mobaxterm à l'URL :

<https://mobaxterm.mobatek.net/download-home-edition.html>

Puis se connecter à bioinfo-master.ird.fr

On peut réserver un nœud par lancer une analyse  
pendant une durée limitée en utilisant la commande qcrsh  
Taper la commande qstat et analyser le résultat

On peut réserver un processeur sur un nœud pour lancer une analyse pendant une durée limitée en utilisant la commande qcrsh  
Taper la commande qstat et analyser le résultat

Type :  
\$~qcrsh  
Vérifier sur quel noeud vous êtes avec la commande  
\$~ uname -a  
\$~ qstat

Se déplacer dans le répertoire d'accueil des données temporaires /scratch  
Créer un répertoire pour y accueillir nos données

Se déplacer dans le répertoire d'accueil des données temporaires /scratch  
Créer un répertoire pour y accueillir nos données

Taper les commandes :  
\$~cd /scratch  
\$~ mkdir login ( avec le login le mot de répertoire de son choix)

En étant connecté à A

Répertoire distant à transférer : /data/projects/tp-cluster/training\_2018

Login : login

répertoire de destination sur le noeud : /scratch/tando

Copier le répertoire distant depuis le serveur B vers le serveur local A



**Destination  
ServerA**



**Source  
ServerB**

En étant connecté à A

Répertoire distant à transférer : /data/projects/tp-cluster/training\_2018

Login : tando

répertoire de destination sur le noeud : /scratch/tando

Copier le répertoire distant depuis le serveur B vers le serveur local A

**scp -r**      login@source\_server:/remote\_path



**Destination  
ServerA**



**Source  
ServerB**

/data/projects/tp-cluster/training\_2018

En étant connecté à A

Répertoire distant à transférer : /data/projects/tp-cluster/training\_2018

Login : tando

répertoire de destination sur le noeud : /scratch/tando

Copier le répertoire distant depuis le serveur B vers le serveur local A

```
scp -r login@source_server:/remote_path local_folder
```

/scratch/tando



**Destination  
ServerA**



**Source  
ServerB**

/data/projects/tp-cluster/training\_2018



# Transfert de données avec scp

En étant connecté à A

Répertoire distant à transférer : /data/projects/tp-cluster/training\_2018

Login : tando

répertoire de destination sur le noeud : /scratch/tando

Copier le répertoire distant depuis le serveur B vers le serveur local A

**scp -r**    login@source\_server:remote\_path    local\_folder

/scratch/tando



**Destination  
ServerA**



**Source  
ServerB**

/data/projects/tp-cluster/training\_2018

**scp -r**    login@serverB:/data/projects/tp-cluster/training\_2018

# Transfert de données avec scp

En étant connecté à A

Répertoire distant à transférer : /data/projects/tp-cluster/training\_2018

Login : tando

répertoire de destination sur le noeud : /scratch/tando

Copier le répertoire distant depuis le serveur B vers le serveur local A

`scp -r login@source_server:/remote_path local_folder`

/scratch/tando



**Destination  
ServerA**



**Source  
ServerB**

/data/projects/tp-cluster/training\_2018

`scp -r login@serverB:/data/projects/tp-cluster/training_2018 /scratch/tando`

## *Etape4 : copie des données dans le répertoire d'analyses*

Copier le répertoire /data/projects/tp-cluster/training\_2018/Blast dans /scratch/login

## *Etape4 : copie des données dans le répertoire d'analyses*

Copier le répertoire /data/projects/tp-cluster/training\_2018/Blast dans /scratch/login

Taper les commandes :

```
$~cd /scratch/login
```

```
$~ scp -r login@bioinfo-nas2.ird.fr :/data/projects/tp-cluster/training_2018/Blast  
/scratch/login
```

Aller dans le répertoire /scratch/login/Blast  
Lister les fichiers du répertoire

Aller dans le répertoire /scratch/login/Blast  
Lister les fichiers du répertoire

Taper :  
\$~cd /scratch/login/Blast  
\$~ls -ali

- 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

Par exemple module whatis bioinfo/blast/2.4.0+

Charger un module : module load + modulename

Par exemple module load bioinfo/blast/2.4.0+

Lister les modules chargés : module list

Décharger un module : module unload + modulename

Par exemple module unload bioinfo/blast/2.4.0+

Décharger tous les modules :

Module purge

Charger le module version 2.4.0+  
Utiliser la commande `blastn` pour lancer une analyse blast  
qui fournira le fichier de sortie appelé `blastn.out`



Charger le module version 2.4.0+  
Utiliser la commande blastn pour lancer une analyse blast  
qui fournira le fichier de sortie appelé blastn.out

Taper :  
\$~ module load bioinfo/blast/2.4.0+  
\$~ blastn -db All-EST-cofea.fasta -query sequence-NMT.fasta -out blastn.out

Editer le fichier blastn.out avec l'utilitaire nano

Editer le fichier blastn.out avec l'utilitaire nano

Taper :  
\$~ nano blastn.out

Copier le fichier blastn.out vers son répertoire home utilisateur  
Vérifier que le fichier est bien copié

Copier le fichier blastn.out vers son répertoire home utilisateur  
Vérifier que le fichier est bien copié

Taper :  
`$~scp blastn.out login@bioinfo-nas.ird.fr:/home/login`  
`$~ls -ali /home/login`

Se déplacer dans le répertoire  
Supprimer le répertoire de travail

Taper:  
\$~cd /scratch  
\$~ rm -rf *login*



**TP: Lancer un bwa de  
manière interactive**

- Suivre les étapes du TP précédent et les adapter à celui-ci
- Le répertoire à copier est: /data/projects/training\_2018/bwa
  - La version de bwa à utiliser est la 0.7.12
  - Les commandes à lancer sont:  
bwa index referencelrigin.fasta  
bwa mem referencelrigin.fasta irigin1\_1.fastq irigin1\_2.fastq >mapping.sam
- Récupérer le fichier mapping.sam et le mettre dans son /home/login

Cf solution: [practice2](#)





**TP: Lancer une analyse à l'aide d'un script**

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

```
$~ qsub script.sh
```

Avec script.sh : le nom du script

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

```
#!/bin/sh

##### SGE CONFIGURATION #####
# Ecrit les erreurs dans le fichier de sortie standard
#$ -j y

# Shell que l'on veut utiliser
#$ -S /bin/bash

# Email pour suivre l'exécution
#$ -M prenom.nom@ird.fr ##### Mettre son adresse mail

# Type de message que l'on reçoit par mail
# - (b) un message au démarrage
# - (e) à la fin
# - (a) en cas d'abandon
#$ -m bea

# Queue que l'on veut utiliser
#$ -q bioinfo.q

# Nom du job
#$ -N Nom_a_choisir
#####
```

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

```
path_to_dir="/data/projects/rep_a_choisir";  
path_to_tmp="/scratch/nom_rep_a_choisir-$JOB_ID"  
  
##### Creation du repertoire temporaire sur noeud et chargement du module blast  
module load bioinfo/blastn/2.4.0+  
mkdir $path_to_tmp  
scp -rp nas2:$path_to_dir/* $path_to_tmp # choisir nas pour/home, /data2 et /teams ou nas2 pour /data ou nas3 pour /data3  
echo "transfert donnees master -> noeud";  
cd $path_to_tmp  
  
##### Execution du programme  
cmd="blastn -db All-EST-cofea.fasta -query sequence-NMT.fasta -num_threads $NSLOTS -out blastn1-$JOB_ID.out";  
echo "Commande executee : $cmd";  
$cmd;  
  
##### Transfert des données du noeud vers master  
scp -rp $path_to_tmp/ nas:$path_to_dir/  
echo "Transfert donnees node -> master";  
  
#### Suppression du repertoire tmp noeud  
rm -rf $path_to_tmp  
echo "Suppression des donnees sur le noeud";
```

- Reprendre le TP 1 et le mettre sous forme de script en s'aidant du script exemple précédent
- Rendre le script exécutable avec la commande

**\$~ chmod 755 script.sh**

- Lancer le script avec la commande qsub
- Observer le déroulement avec la commande watch qstat

**[solution script blastn](#)**



Utiliser la commande dos2unix quand le script a été écrit sous windows

- Reprendre le TP 2 et le mettre sous forme de script en s'aidant du script exemple précédent
- Rendre le script exécutable avec la commande

**\$~ chmod 755 script.sh**

- Lancer le script avec la commande qsub  
**\$~ chmod 755 script.sh**
- Observer le déroulement avec la commande watch qstat

**[solution script bwa](#)**



Utiliser la commande dos2unix quand le script a été écrit sous windows