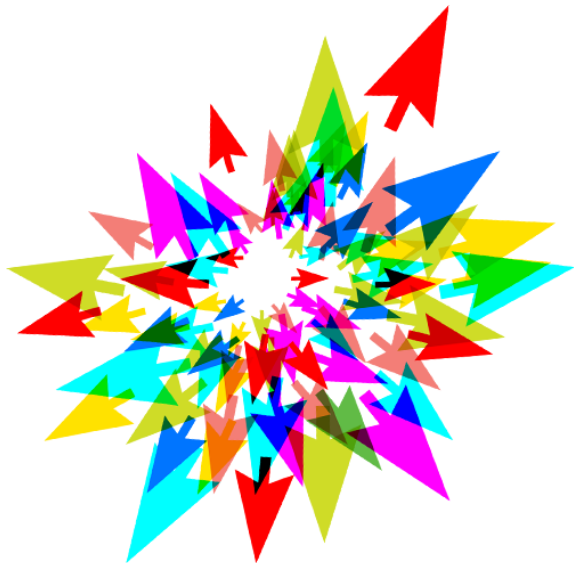


Outils de paramétrisation/lancement de tâches multiples

compute | **calcul**
canada | canada

**lots de tâches (job arrays),
GNU Parallel, GLOST,
BqTools**

présentation avec exemple



Cas classiques avec lancement des tâches multiples

traitement d'un ensemble des fichiers

variation des paramètres des fichiers d'entrée

- 1) code (script) model / template
- 2) fichier d'entrée model / template
- 3) code (application) acceptant des arguments / paramètres

Description d'un cas imaginaire

Fonction : pour un fichier “a.txt” donné, on extrait les lignes contenant une “chaîne”, puis ajouter “+entier” à la fin des lignes extraites ⇒ les sauvegarder dans un fichier resultat.

```
[luhuizho@ip15-mp2 EXAMPLE]$ cat travail_un_cas.sh
```

```
f=$1
```

```
search_str=$2
```

```
ajout_val=$3
```

```
case_dir=${f}__${search_str}__${ajout_val}__case
```

```
mkdir ${case_dir}
```

```
cd ${case_dir}
```

```
ln -s ../$f .
```

```
grep "${search_str}=" $f | sed -e "s/\$/+${ajout_val}/g" \
```

```
> ${f}__${search_str}__${ajout_val}
```

Description d'un cas imaginaire – continue

Variation des 3 arguments de la fonction :

1) “**a.txt**” est un des fichiers du présent repertoire :

a1.txt, a2.txt ...

2) “**chaine**” venu de chaque ligne du fichier search_str.txt

3) “**entier**” est soit 10, soit 20

```
[luhuizho@ip20-mp2 EXAMPLE]$ cat search_str.txt
```

ac

bb

```
[luhuizho@ip20-mp2 EXAMPLE]$ ls a*.txt
```

a1.txt a2.txt a3.txt a4.txt

```
[luhuizho@ip20-mp2 EXAMPLE]$ tail -2 a1.txt
```

ec=1

ed=2

Description d'un cas imaginaire – continue

à la fin, on obtient des nouveaux fichiers comme :

a1.txt__ac__10__case

⇒ chaîne cherchée : “ac=” ; ajouté fin de ligne : “+10”

a1.txt__bb__10__case

a1.txt__ac__20__case

.....

Ensemble, il y a nbFichier X nbChaines X nbNombresAjoutés cas
(produit cartésien ici ... $4*2*2=16$)

```
[luhuizho@ip15-mp2 EXAMPLE]$ cat a1.txt__ac__10
```

```
ac=1+10
```

Script de soumission

#!/bin/bash

#SBATCH --account=def-luhuizho

#SBATCH --ntasks=1 # nb de tâches

#SBATCH --mem-per-cpu=1024M # mémoire par cpu

#SBATCH --time=0-00:10 # temps (DD-HH:MM)

....lancement d'application....

algorithme séquentiel (traitement simple)

```
for f in `ls a*.txt` ; do
    cat search_str.txt | while read search_str ; do
        for ajout_val in 10 20 ; do
            travail_un_cas.sh ${f} ${search_str} ${ajout_val}
        done
    done
done
```

algorithme séquentiel – classique

(utiliser fichier d'entrée model/template)

```
for f in `ls a*.txt` ; do
  cat search_str.txt | while read search_str ; do
    for ajout_val in 10 20 ; do
      cat template.txt | sed -i \
        -e "s/~~f~~/$f/g" \
        -e "s/~~search_str~~/$search_str/g" \
        -e "s/~~ajout_val~~/$ajout_val/g" > unCas.txt
      MonApplication < unCas.txt
    done
  done
done
```


Slurm Job Array (lots de tâches)

https://slurm.schedmd.com/job_array.html

https://docs.computecanada.ca/wiki/Job_arrays

Lancer un ensemble (vecteur) de tâches (séquentielles ou **parallèles**)

Chaque tâche est différenciée/identifiée par l'élément correspondant de cet ensemble/vecteur : `$SLURM_ARRAY_TASK_ID`

Slurm Job Array : continue-1

	<code>\$SLURM_ARRAY_TASK_ID</code>
<code>sbatch --array=0-7</code>	Un des entier entre 0 et 7 (inclusive)
<code>sbatch --array=1,3,6</code>	Un des 3 entiers listés (1,3,6)

*** cas simple : on utilise cet identificateur comme paramètre directement (pas de nombre flottant)**

*** cas compliqué : établit une correspondance entre cet identificateur et le(s) cas à traiter par cette tâche — par exemple `SLURM_ARRAY_TASK_ID` est indice de la liste ordonnée des cas à traiter**

Slurm Job Array : continue-2

```
#SBATCH -ntasks=1
```

```
compte=0
```

```
for f in `ls a*txt` ; do
```

```
    for search_str in `cat search_str.txt` ; do
```

```
        for ajout_val in 10 20 ; do
```

```
            compte=$((compte+1))
```

```
            compte_modulo=$((compte % $SLURM_ARRAY_TASK_COUNT + 1))
```

```
            if [ "$SLURM_ARRAY_TASK_ID" -eq "$compte_modulo" ]; then
```

```
                travail_un_cas.sh ${f} ${search_str} ${ajout_val}
```

```
            fi
```

```
        Done ; done ; done
```

sbatch -array=1-8 jobArray.slurm # ⇒ job (148275)

(chaque tâche traite 2 combinaisons)

sbatch --depend=afterok:148275 jobArray_post.slurm

Gnu Parallel

<https://www.gnu.org/software/parallel/man.html>

https://docs.computecanada.ca/wiki/GNU_Parallel

**Un outil permettant d'exécuter plusieurs tâches séquentielles en parallèle
(éventuellement sur différents machines/cœurs)**



Gnu Parallel : continue - 1

Calcul Québec

```
parallel echo ::: A B C
```

```
parallel echo ::: A B C ::: `seq 0.01 0.02 0.1` # A 0.01, ...
```

```
parallel echo ::: awk -F, '{print $2}' fichier.csv # 2eme colonne
```

```
parallel echo ::: A B C ::: {1..3} # A 1 ; A 2 ; A 3 ; B 1 ; ...
```

```
parallel echo ::: A B C :::+ {1..3} # A 1 ; B 2 ; C 3 ;
```

```
parallel echo :::: a.txt ::: {1..3} # ligne-1 1 ; ligne-1 2 ; ...
```

```
parallel :::: cmd_file # exécuter en parallèle chaque ligne
```

```
parallel -jobs 3 --sshloginfile listDesNoeuds --workdir $PWD ....
```

```
# exécuter 3 tâches simultanément sur chaque machine
```

```
find . -name '*txt' | parallel gzip
```

Écrit en perl : beaucoup de fonctionnalité de traiter les text



Gnu Parallel : continue - 2

Calcul Québec

```
#SBATCH --nodes=2
```

```
#SBATCH --ntasks-per-node=4
```

```
scontrol show hostname $SLURM_JOB_NODELIST > node_list_file
```

```
parallel --joblog example.log \
```

```
    --jobs $SLURM_NTASKS_PER_NODE \
```

```
    --sshloginfile node_list_file \
```

```
    --workdir $PWD \
```

```
    ./travail_un_cas.sh ::: a*.txt ::: search_str.txt ::: 10 20
```

```
# reprise des cas échoués, option: --resume-failed --joblog example.log
```

```
# --env MyEnv , permet d'exporter la variable d'environnement
```



Gnu Parallel : continue – 4

Calcul Québec

(utilisé dans job array)

```
#SBATCH –ntasks=1
```

```
parallel -k echo './travail_un_cas.sh' \
```

```
{= "if(seq()%${SLURM_ARRAY_TASK_COUNT}!=${SLURM_ARRAY_TASK_ID}-1) { skip() }" =} \
```

```
::: a*txt :::: search_str.txt ::: 10 20 \
```

```
2>/dev/null > .tmp_${SLURM_ARRAY_TASK_ID}
```

```
bash .tmp_${SLURM_ARRAY_TASK_ID}
```

#on remplace la boucle du script original de Job-Array par gnu-parallel !

#les commandes/applications peuvent être différentes

```
sbatch –array=1-8 simp_jobArrayAvecGnuPar.slurm
```

GLOST

(Greedy Launcher Of Small Tasks)

<https://github.com/cea-hpc/glost>

<https://docs.computecanada.ca/wiki/GLOST>

**un outil pour exécuter un grand nombre de
tâches séquentielles de courte durée ou de
durée variable**

**(utiliser `mpiexec/srun` de façon maître-esclave)
(facile de lancer des applications différentes)**

GLOST : continue

```
#SBATCH --job-name=HLU_TEST
```

```
#SBATCH --nodes=2
```

```
#SBATCH --ntasks-per-node=4
```

```
#SBATCH --mem-per-cpu=1000M
```

```
#SBATCH --time=5-00:00
```

```
#SBATCH --account=def-luhuizho
```

```
module load glost/0.3.1
```

```
parallel echo ./travail_un_cas.sh ::: a*txt :::: search_str.txt ::: 10 20 > exe_tous
```

```
srun glost_launch exe_tous
```

```
[luhuizho@ip15-mp2 EXAMPLE]$ cat exe_tous
```

```
./travail_un_cas.sh a1.txt ac 10
```

```
./travail_un_cas.sh a1.txt ac 20
```

```
./travail_un_cas.sh a1.txt bb 10
```

```
....
```

BqTools

(Batch Queueing Tools)

Outils pour simplifier la soumission d'un grand nombre de tâches sur cluster : **même commande/application, différents ensembles de données.**

Mise à jours sur MP2b (v5.0-RC1) : implémenté sur Slurm job-array et GNU-Parallel. Chaque tâche s'exécute dans son propre répertoire avec instance de fichier d'entrée construit en fonction des valeurs définies dans le fichier d'entrée global de BqTools.

Tâches incomplètes/annulées peuvent être **redémarrées** avec bqsubmit

BqTools : continue – 1

(script de soumission, fichier template)

```
[luhuizho@ip15-mp2 EXAMPLE]$ cat bqsubmit.dat
```

```
concurrentJobs=8
```

```
command=bash travail_un_cas.sh
```

```
templateFiles=un_cas.sh
```

```
param1=f=$(ls a*txt)
```

```
param2=search_str=$(cat search_str.txt)
```

```
param3=ajout_val=$(seq 10 10 20)
```

```
submitOptions="--account=def-luhuizho "
```

```
[luhuizho@ip15-mp2 EXAMPLE]$ cat un_cas.sh
```

```
dir=/home/luhuizho/FORMATION/Parametrisation/BqTools/EXAMPLE
```

```
egrep "~~search_str~~=" "$dir/~~f~~ \
```

```
| sed -e "s/\$/+~~ajout_val~~/g" \
```

```
> ~~f~~__~~search_str~~__~~ajout_val~~
```

```
[luhuizho@ip15-mp2 EXAMPLE]$ bqsubmit
```

BqTools : continue – 2

(structure des répertoires resultats)

```
[luhuizho@ip15-mp2 EXAMPLE]$ ls | egrep BQ
```

```
BATCH_00001.BQ, BATCH_00002.BQ, ..... # sous-repertoire crée par bqsubmit
```

```
BATCH-389948_1.out, BATCH-389948_2.out, ... # output de chaque tâche
```

```
BATCH_fa1.txt_search_strac_val_to_add10.BQ, ... # lien symbolique du sous-sous-repertoire de résultat
```

```
[luhuizho@ip16-mp2 EXAMPLE]$ ls BATCH_00001.BQ
```

```
00001.BQ logfile
```

```
[luhuizho@ip16-mp2 EXAMPLE]$ ls BATCH_00001.BQ/00001.BQ/
```

```
a1.txt__ac__10 travail_un_cas.sh
```

```
[luhuizho@ip16-mp2 EXAMPLE]$ cat BATCH_00001.BQ/00001.BQ/travail_un_cas.sh
```

```
egrep "ac=" /home/luhuizho/FORMATION/Parametrisation/BqTools/EXAMPLE/a1.txt | sed -e "s/\$/+10/g" >  
a1.txt__ac__10
```

BqTools : continue – 3

/opt/software/bqtools/share/doc/bqtools/bqsubmit.dat.sample

batchName=NomChoisi

concurrentJobs=8 # nb max de jobs en concurrence

command=bash monScriptApp.sh # commande/application à exécuter

templatesFiles=a.txt b.txt c.txt # fichier template

param1=a=\$(cat par_a.txt) # les valeurs pour remplacer ~~a~~

param2=b=\$(seq 10 -1 1) # nb cas total == produit cartésien

MonConstA=1111 # constant

ParamSymLinks=1 # créer lien symbolique vers repertoire de tâche

submitOptions=" --nodes=1 --time=1:00 --ntasks=2" # options slurm

BqTools : continue – 4

/opt/software/bqtools/share/doc/bqtools/bqsubmit.dat.sample

copyFiles=acp.txt bcp.txt # fichiers a copier

linkFiles=aln.txt bln.txt # fichiers dont les liens seront créés

microJobs=4 # chaque job soumis exécute 4 tâches paramétrisées

ConcurrentMicroJobs=2 # 2 s'exécutent en même temps,
#0=>\$SLURM_NTASKS

liste des clés et valeurs correspondantes (optionnel)

keysList="varA varB"

ValuesList="::: 1 2 :::+ 3 4" # lien par correspondance

BqTools : continue – 5

<https://wiki.calculquebec.ca/w/BqTools/en>

preBatch = rm -f totalOutput.txt # nœud interactive, une fois,
#avant soumission des tâches

postBatch= cat *.BQ/*.BQ/output.txt >> totalOutput.txt # assembler résultat
nœud interactive, une fois, après exécution de toutes les tâches

PreJob=... # nœud interactive, une fois par tâche, dans repertoire de tâche

PostJob=..# nœud interactive, une fois après chaque tâche,
#dans repertoire de tâche=