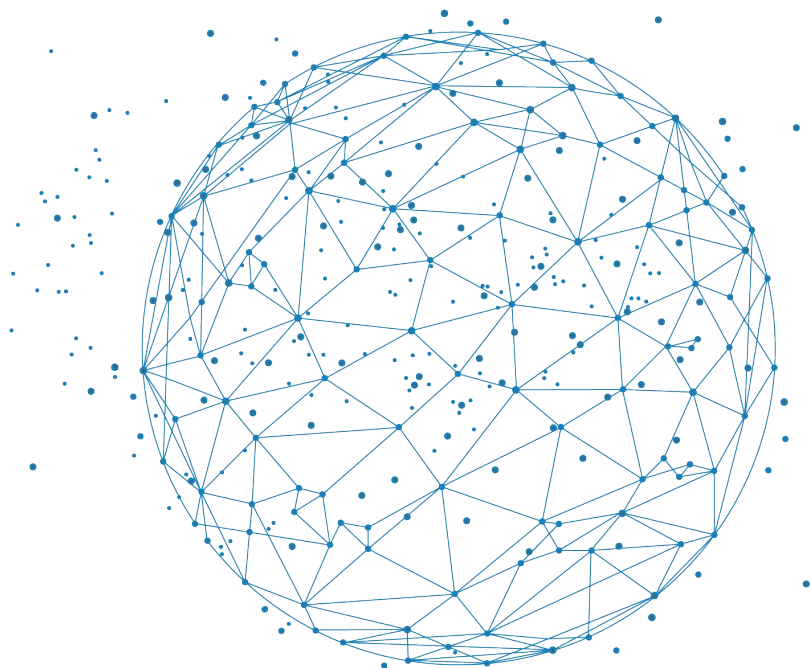




FAIR Bioinfo 2024 - Strasbourg



L'IFB Core Cluster

J. Seiler





L'**Institut Français de Bioinformatique** ou **IFB** est l'infrastructure nationale de bioinformatique qui assure du support, le déploie des services, organise des formations et réalise des développements innovants pour les communautés des sciences du vivant.

L'**IFB** propose **une infrastructure de calcul d'ampleur nationale** en complément des offres proposées en région, il s'agit du **Core Cluster**.

Le Core Cluster est une infrastructure de calcul **co-administrée** par des administrateurs systèmes et bioinformaticiens issus de **5 plateformes IFB**.

 8400 coeurs

 52 To de RAM

 9 GPUs

 2 Po de stockage scratch

*2 Po de stockage projet
(sauvegardé)*

 + de 600 outils




Le Core Cluster propose **3 modalités** d'accès aux ressources

SSH

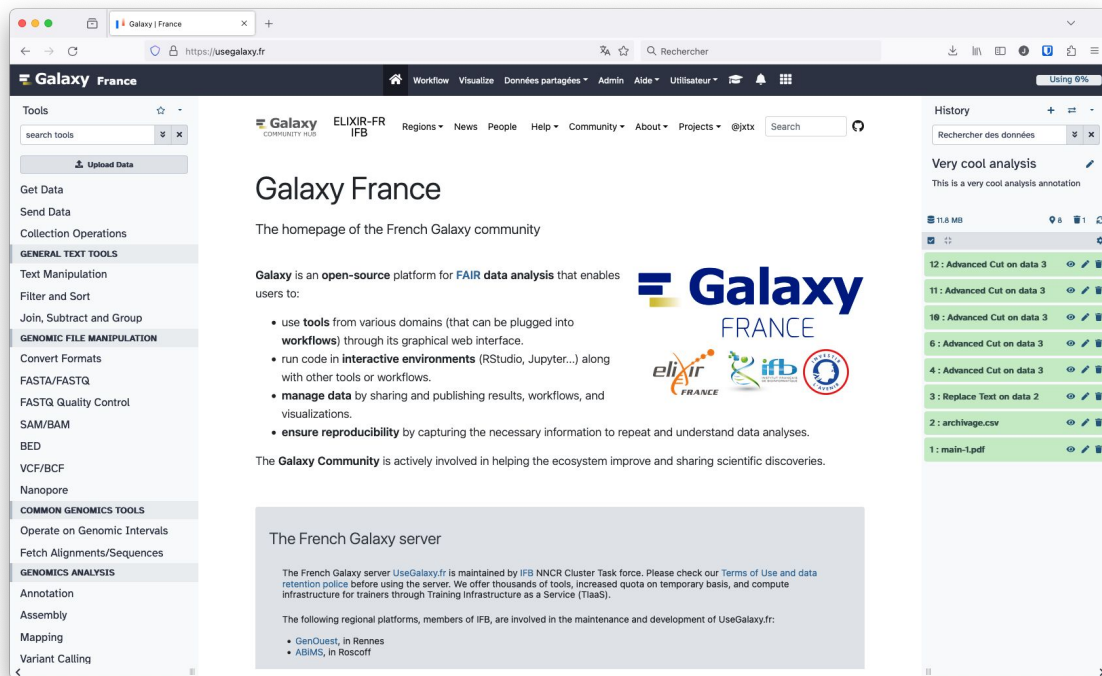
core.cluster.france-bioinformatique.fr

Noeud de connexion pour lancer des tâches SLURM

```
jseiler@core-login2:~  
ifb> module avail fastqc  
----- /shared/software/modulefiles -----  
fastqc/0.11.5 fastqc/0.11.7 fastqc/0.11.8 fastqc/0.11.9 fastqc/0.12.1  
ifb> module load fastqc/0.12.1  
ifb> srun fastqc --version  
srun: job 36359732 queued and waiting for resources  
srun: job 36359732 has been allocated resources  
FastQC v0.12.1  
ifb> |
```



Le Core Cluster propose 3 modalités d'accès aux ressources



Galaxy

<https://usegalaxy.fr>

Instance française de Galaxy

3174 outils disponibles

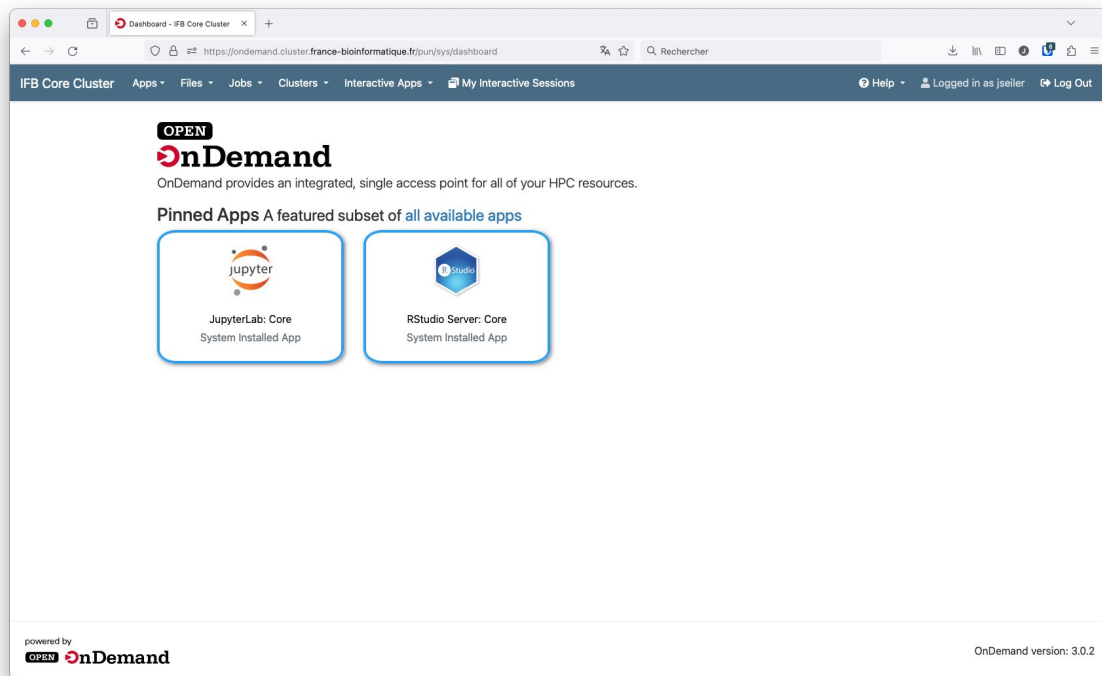
6 sous-domaines thématiques :

- Workflow4Metabolomics
- ProteoRE
- Covid19
- Metabarcoding
- Met4J
- MNHN

TiaaS : Training infrastructure as a Service



Le Core Cluster propose **3 modalités** d'accès aux ressources



Open OnDemand

<https://ondemand.cluster.france-bioinformatique.fr/>

Portail web d'accès aux ressources de calcul

Applications interactives :

- JupyterLab
- RStudio
- Desktop XFCE
- et d'autres à venir

Gestionnaire de fichiers

Lancement et suivi de tâches SLURM

Open OnDemand propose deux types d'applications

Les Passenger Apps

Ce sont des applications s'exécutant **directement sur le portail Open OnDemand** et proposant des outils et services permettant d'organiser son travail :

- Gestionnaire et éditeur de fichier en ligne
- Suivi des tâches SLURM
- Création de tâches SLURM à partir de modèles
- Console SSH

The top screenshot displays a file manager interface for the 'IFB Core Cluster'. It shows a directory listing with columns for Type, Name, Size, and Modified at. The directories listed are: demo, demo_fastq, ebal2023, fairbioinfo2023, indicators, jupyterhub, and ondemand.

The bottom screenshot displays the 'Active Jobs' table. The table has columns for ID, Name, User, Account, Time Used, Queue, Status, Cluster, and Actions. The jobs listed are:

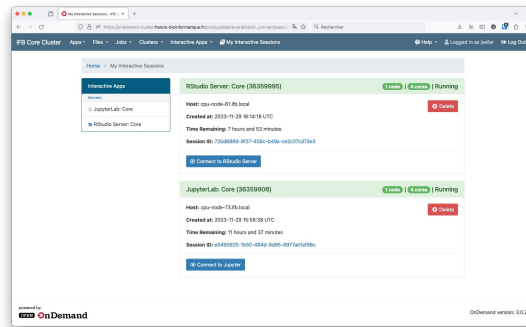
ID	Name	User	Account	Time Used	Queue	Status	Cluster	Actions
36341819	molestus_flye_racon_minimap	tdurand	annotation_fjensism2	26:50:52	bigmem	Running	Core cluster	
36278159	molestus_flye_racon_minimap	tdurand	annotation_fjensism2	151:22:29	bigmem	Running	Core cluster	
36317341	iqtree	romaini	erc_pe_kca_qt	54:38:06	bigmem	Running	Core cluster	
36357706	PIPEL	gblanc	phycovir	03:38:53	bigmem	Running	Core cluster	
35811653	nm_AboveBelow_bin	bbaker	final_markers	605:30:59	bigmem	Running	Core cluster	
35811649	nm_DPANN_bin	bbaker	final_markers	605:43:20	bigmem	Running	Core cluster	
36352990	pulsar_3726029	galaxy	galaxy	06:36:42	docker	Running	Core cluster	
36359777	g3730277_kraken_report	galaxy	galaxy	00:19:24	fast	Completed	Core cluster	
36206630	run_nextclade_202311191000	emergen-airflow	emergen_jfb	00:00:45	fast	Completed	Core cluster	
36359192	wrap	alebars	emergen_jfb	01:17:53	fast	Completed	Core cluster	
36359856	g3730312_prokka	galaxy	galaxy	00:02:37	fast	Completed	Core cluster	
36359853	g3730310_prokka	galaxy	galaxy	00:02:50	fast	Completed	Core cluster	

Open OnDemand propose **deux types d'applications**

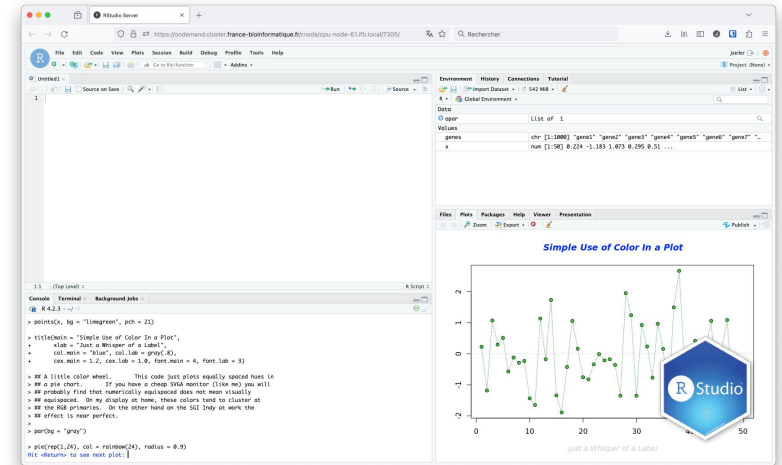
Les Interactive Apps

Ce sont des applications webs lancées par Open OnDemand au sein d'une tâche SLURM.

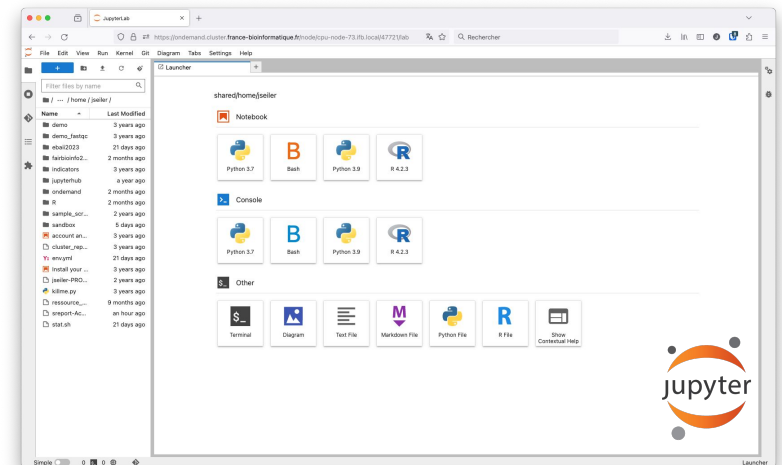
L'utilisateur peut choisir les ressources qu'il souhaite mobiliser pour chaque application.



Serveur Open OnDemand
Portail / Reverse Proxy



Job SLURM
RStudio Server



Job SLURM
Serveur JupyterLab



Computing capacities

100 computing nodes

including 3 GPU nodes with Nvidia A100

8320 CPUs (max 300 per user)

55 TB of memory (max 1,5 TB per user)

Storage capacities

Name	Storage technology	Capacity	Quota	Backup	Path
Homedir	Lustre	2 PB	100GB per user	No	/shared/home/<username>
Projects (scratch)	Lustre		As requested	No	/shared/projects/<name>
Projects (store)	CephFS	2PB	As requested	Yes	Coming soon



Software

622 tools

986 tools versions

Based on conda or apptainer

Accessible to users through **module**

```
module avail # list all modules available
```

```
module load samtools/1.9 # load a tool
```

```
module list # list loaded tools
```

```
module unload samtools # unload a tool
```

```
module purge # unload all tools
```



Need a tool ?

Go to <https://community.france-bioinformatique.fr/>

Demande d'installation de FusionInspector

IFB Core Cluster | Demande de logiciel ou de banque de données

This is the first time Camille has posted — let's welcome them to our community! 20d

C Camille

Bonjour,

Je me permets de vous contacter car dans le cadre de mon projet de master 2, j'aurais besoin de l'outil FusionInspector pour lequel mon ordinateur personnel n'est pas assez puissant. C'est un outil permettant d'analyser les fusions en RNAseq. Ne sachant pas comment procéder, serait-il possible de vous l'installer ? Voici l'adresse <https://github.com/FusionInspector/FusionInspector/wiki/installing-FusionInspector>.

Je vous serais très reconnaissante de votre aide.

Cordialement,

Camille Baron encadrée par Audrey Gros à l'université de Bordeaux

✓ Solved by [gildaslecorguille](#) in post #4
Hop: module load fusion-inspector/2.2.1

created 20d last reply 19d 4 replies 25 views 2 users 2 links

Installation (nonpareil) @team.software

IFB Core Cluster | Demande de logiciel ou de banque de données

E echase 3 Feb

Bonjour @team.software

Serait-il possible d'installer nonpareil sur le cluster, SVP ?

 [Imrodriguez/nonpareil](#)
Estimate metagenomic coverage and sequence diversity - Imrodriguez/nonpareil

Merci pour votre temps,

Emily

✓ Solved by [julien](#) in post #3

nonpareil 3.3.4 est à présent disponible sur le cluster : module load nonpareil/3.3.4 Bonne journée, Julien

created 3 Feb last reply 4 Feb 2 replies 28 views 2 users 2 likes 1 link

Installation pyslim @team.software

IFB Core Cluster | Demande de logiciel ou de banque de données

G Guillaume_Lan-Fong 24d

Bonjour,

Faisant suite à mon post pour l'installation de SLiM, j'aimerais savoir s'il était possible d'installer le package python "pyslim" (<https://pyslim.readthedocs.io/en/latest/installation.html>) permettant de travailler sous python sur les .trees générés par SLiM.

L'installation devrait être possible via un simple : `python3 -m pip install pyslim`

En vous remerciant par avance,

Lan-Fong Guillaume

✓ Solved by [gildaslecorguille](#) in post #7
Hop: module load pyslim/0.501

1 ❤️ 1 🔗 ... Reply

created 24d last reply 11d 7 replies 38 views 3 users 1 like 1 link