

General information til front offices ang. DeiC national HPC Type 2

Introduktion

Denne instruktion er udarbejdet af type-2 konsortiet som oplysning og vejledning til front offices på universiteterne, som vil allokere et projekt til et type-2 anlæg. Type-2 konsortiet består af tre anlæg, GenomeDK (Aarhus Universitet), Sophia (DTU) og Computerome2 (KU/DTU), som hver er skræddersyet til forskellige behov og brugere.

Tildeling af ressourcer

Front office på det pågældende universitet skal oplyse følgende:

- DeiC projekt-ID (<https://www.deic.dk/Supercomputere/Vejledninger-og-guides/Husk-at-referere-til-brug-af-national-HPC>)
- Navn på ansøger/projektejer
- E-mail på ansøger/projektejer
- Ønsket anlæg (GenomeDK, C2, Sophia)
- Projektejers erfaring med type-2 HPC, angivet i år (cirka)
- Allokerede kerne-timer (bestemt af jeres ressourceallokering udvalg)
- Allokeret lager (bestemt af jeres ressourceallokering udvalg)
- Særlige behov (fat/GPU-maskiner)

Informationerne sendes per mail, af front office, til Dan Søndergaard (das@genome.au.dk), konsortierepræsentant for type-2 konsortiet.

Front office fastlægger i samarbejde med konsortierepræsentanten hvilket anlæg projektet skal allokeres på (her tages der hensyn til behov og belægning). Herefter sender konsortierepræsentanten anmodningen videre til det anlæg, hvor projektet skal oprettes. Pågældende anlæg opretter projekt og brugere efter den lokale procedure.

Bemærk: Brugerens generelle support-spørgsmål (brug af køsystem, filsystem, installation af software osv.) bør rettes direkte til det anlæg hvor deres projekt er allokeret. Generelle spørgsmål/indsigelser/klager om type-2 rettes til konsortierepræsentanten.

Bemærk: Ikke alle anlæg begrænser projekterne til den angivne allokering. Brugeren skal derfor selv holde styr på sit forbrug (se nedenstående tabel).

Specifikationer for anlæggene

Nedenstående tabel opsummerer de ressourcer som hvert anlæg har gjort tilgængelig til nationalt brug. Et anlæg kan altså godt have andre maskiner/services til rådighed, men disse er ikke en del af den nationale aftale.

Bemærk: Det er op til brugeren selv kun at allokere jobs på de maskiner der er tildelt til DeiC-brugere. Anvendes andre maskiner (f.eks. GPU/fat), konteres dette direkte til brugeren.

	GenomeDK	Computerome2	Sophia
Hardware	AMD EPYC Rome 7452, 64 kerner i alt, 512 GB RAM, 2 TB SATA-disk	Xeon Gold 6230 Cascade Lake, 40 kerner, 192 GB RAM, 1.9 TB SSD-disk	AMD EPYC 7351, 32 kerner i alt, 128 GB RAM, 1 TB SATA-disk
Netværk	100 Gb/s Infiniband	100 Gb/s Infiniband	100 Gb/s Infiniband
Lager	Parallelt (BeeGFS) filsystem, total kapacitet på 11.5 PB, aggregeret båndbredde på 35 GB/s.	3-niveaus lager, 160 GB/s, i alt 8 PB.	Distribueret CEPH filsystem, total kapacitet 1 PB, aggregeret båndbredde 4 GB/s, BeeGFS-baseret burst buffer, 30 TB for høj I/O.
Køsystem	SLURM	Torque/Moab	SLURM
Node sharing tilladt	Ja	Nej	Nej
Netværkstopologi	Fat-tree	Fat-tree	Fat-tree
Backup	Mulighed for off-site disk-baseret backup.	Mulighed for backup på disksystem.	Mulighed for off-site backup på bånd.
Sikkerhed	To-faktor login. Mulighed for ekstra sikkert miljø (closed zone) der forhindrer læk af data. ISO 27001-compliant.	To-faktor login for alle, SecureCloud-løsning som tilvalg. ISO 27001-compliant.	Generel UNIX og HPC sikkerhed, ikke GDPR-compliant.
Anvendelsesfokus	Bioinformatik, life sciences, data science.	Bioinformatik, life sciences, data science.	Fysik/kemi, simulationer, optimering, MPI.
Understøtter begrænsning af ressourcer brugt af projektet (quota)	Ja	Nej	Ikke endnu
Brugsstatistik	Ja, løbende via kommando (data opdateres dagligt), samt månedlig mail	Ja, løbende via månedlig mail sendt til projektejer	Ikke endnu
Hjemmeside/ dokumentation	genome.au.dk	computerome.dk	dtu-sophia.github.io/docs/