

# Point cluster 19 janvier 2012

## Modifications effectuées sur la configuration

20 nouveaux nœuds avec le double de mémoire vive (96 Gb) ont été ajoutés au cluster. Ils sont accessibles aux utilisateurs via les classes bigmem et workq pour les jobs nécessitant plus de 48Gb de mémoire avec la même configuration logicielle.

## Projets déclarés au 19 janvier 2012

SAM : Groupe de travail de la SAM

GEMBAL : Evaluation génomique Multi-Races Bovins Allaitants et Laitiers. Responsable Vincent Ducrocq et Florence Phocas

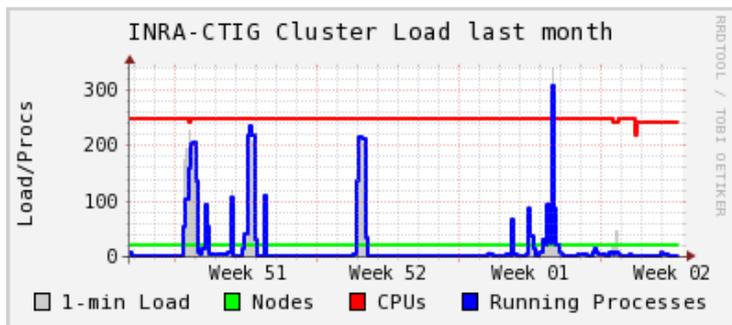
THESE\_TTR : Simulations afin d'évaluer l'intérêt d'une évaluation génomique chez le porc

CHICKSEQ : projet du département GA qui concerne l'analyse de données de séquençage de génomes complets de poulets de chair. Responsable : **Sandrine Lagarrigue, Olivier Demeure**

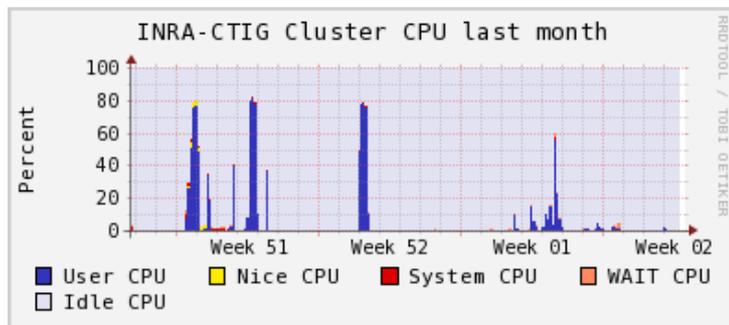
Delisus : Projet de Marie Pierre Sanchez.

Imputation : Projet CTIG, Responsable : Didier Boichard

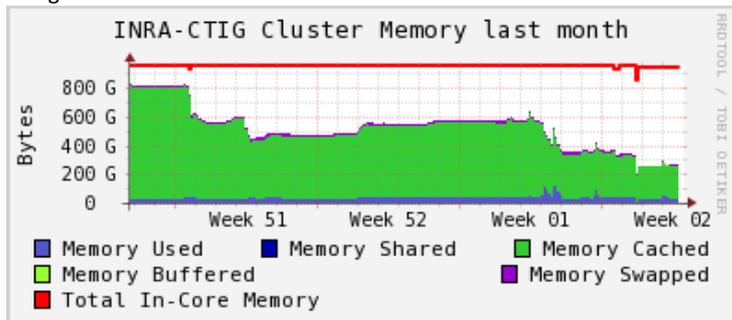
## Utilisation du cluster décembre-janvier 2012



Charge du cluster



Utilisation des processeurs



Utilisation de la mémoire

On constate que le cluster reste peu utilisé, et surtout pour de la puissance de calcul pure (peu d'utilisation de la mémoire en règle générale).

## Utilisateurs actifs

En moyenne il y a eu 8 utilisateurs connectés par jour sur le cluster depuis le mois de novembre. 15 utilisateurs se sont connectés, 7 sont inactifs sur les 32 comptes utilisateurs que compte le cluster. 2768 jobs ont été lancés depuis le 24 novembre 2011.