

Kubernetes pro výpočty a vědu, aneb co děláme v temnotách

Lukáš Hejtmánek
e-INFRA CZ/CERIT-SC



kubernetes

Prostředí Kubernetes

- Provozováno centrem CERIT-SC v rámci e-INFRA CZ
 - K využití stačí účet v Metacentru
- Vybavení
 - přes 2000 CPU jader
 - 512GB paměti na uzel
 - GPU karty
 - A10, A40, A100 (80GB), A100 MIG, H100
 - Pouze SSD
 - Infiniband

<https://docs.cerit.io>



Prostředí Kubernetes

- Postaveno na distribuci RKE2
 - Webové rozhraní Rancher od Suse
- Managed platforma
 - Bez eskalace práv
- Integrace návazných komponent
 - Vydávání certifikátů
 - DNS jména
 - Napojení úložišť
 - Dualstack
 - Integrovaný monitoring a logování
 - Vlastní registry (harbor)



Využití Kubernetes

- Oprávněný uživatel dostane osobní namespace
- Lze získat projekt
 - Více zdrojů
- Lze spouštět docker image “bez omezení”
 - Není možná eskalace práv (su, sudo)



Co běží v Kubernetes?

- Webová rozhraní
 - Jupyterhub
 - Rstudio
 - Alphafold
 - Vzdálený desktop
- VNC vzdálený desktop
- Rancher katalog aplikací (helm balíčky, např. pycharm)
- Výpočty
 - Nextflow, Snakemake
 - Vlastní výpočetní systémy



Jupyterhub

- <https://hub.cloud.e-infra.cz> <https://docs.cerit.io/docs/jupyterhub.html>
- Primárně pro Jupyter notebooky
 - Několik připravených obrazů
 - Minimal notebook, Datascience notebook, Tensorflow
 - Obrazy jsou stabilní
 - Možnost připravit vlastní
- Lze pustit navíc Rstudio a Matlab
- Čas běhu není omezený, neaktivní notebooky jsou do týdne ukončeny
- Další instance pro výuku



Alphafold

- <https://alphafold.cloud.e-infra.cz> <https://docs.cerit.io/docs/alphafold.html>
- Grafické rozhraní k Alphafold predikci proteinů
- Maximálně zjednodušené bez zadávání skriptů
- Dokončení výpočtu oznámeno mailem
- Výsledky lze orientačně zobrazit přímo v prohlížeči
 - Zároveň jsou ukládány na externí úložiště
- Je integrován mol* webový prohlížeč
 - Při znalosti názvu proteinu lze zobrazit přes mol* vše z EBI databáze



AlphaFold₂

Compute AlphaFold

Compute Colabfold

View Results

Running Jobs

View CIF Protein

Protein name

intricate-burn

Proteins

>Sequence1

Max template date

default

DB Preset

full_dbs

Model Preset

monomer

Precomp MSAS



Predictions per model

5

Run Relax



Make results public



E-mail

xhejtman@ics.muni.cz

Force computation



Version of AlphaFold

Alphafold 2.2.0

✓ Run



AlphaFold₂

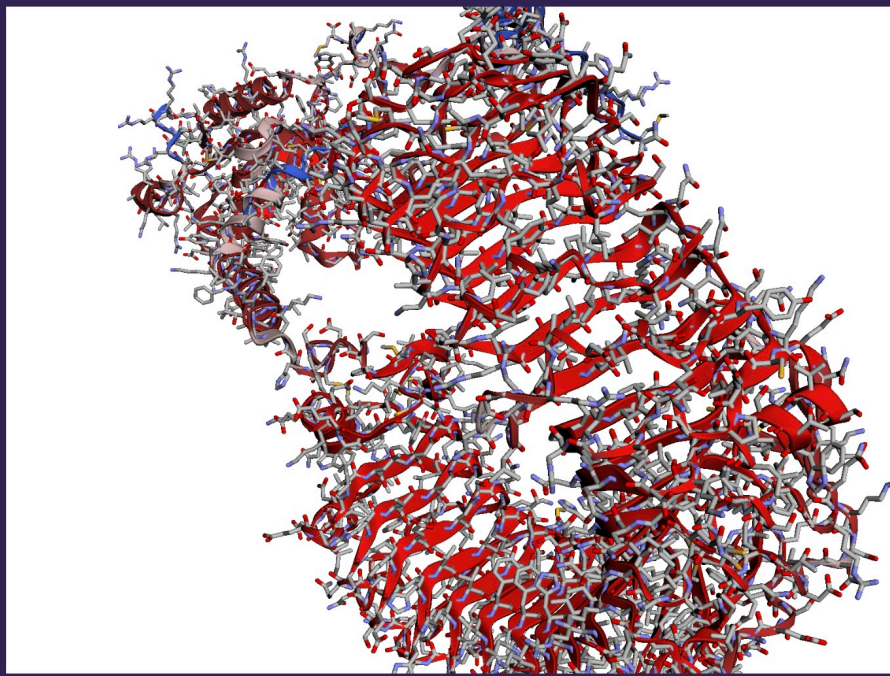
Compute AlphaFold Compute Colabfold **View Results** Running Jobs View CIF Protein

Computed Results acchtr4 ▼

- Show all atoms
- Hide atoms

View Result

Click to open Mol* viewer: [OPEN](#)



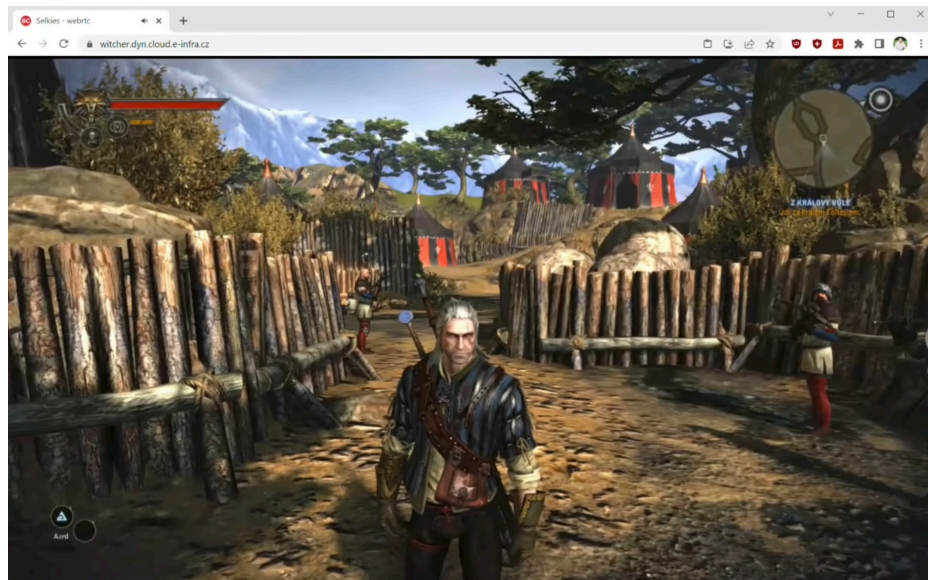
Model Confidence

- Very low (pLDDT < 50)
- Low (70 > pLDDT > 50)
- Confident (90 > pLDDT > 70)
- Very high (pLDDT > 90)



Vzdálené desktopy

- Varianta WebRTC nebo VNC
- WebRTC
 - Plná 3D akcelerace
 - Přístup přes webový prohlížeč
 - Lehce snížená kvalita obrazu
 - Funguje Witcher 2
- VNC
 - Bez 3D akcelerace
 - Nižší latence
 - Nutný VNC klient



Vědecké výpočty

- Řada nástrojů s Kubernetes executorem
- Nextflow, Snakemake
- Velké kontejnery bez microservices
- Výhoda v reprodukovatelnosti běhu
 - Stále stejné prostředí
- Při správném nastavení prakticky nulová režie



Výzkumné problémy

- Sdílení grafických karet
- Plánování zdrojů
 - Lepší využití zdrojů
- Optimalizace výkonu
- Napojení úložišť
- K8sGPT
 - AI pro pomoc se správou infrastruktury, Jarvis?
- Bakalářské, diplomové práce
- Disertace



Děkuji za pozornost

