

Lineamientos para el uso de los servidores de análisis de la Unidad de Bioinformática y Manejo de la Información del IFC

Dr. Augusto César Poot Hernández.

Encargado de la Unidad de Bioinformática y Manejo de la Información del IFC (UBMI).

Diciembre de 2019.

Estos lineamientos/recomendaciones se distribuyen por correo electrónico a los usuarios de los servidores de la UBMI.

1. UBMIportal es una computadora sólo de acceso, procura no usarla para alguna otra actividad. Sin embargo, sí puedes usarla como punto intermedio (y temporal) de almacenamiento para copiar archivos a alguno de los servidores de análisis.

2. Los servidores de análisis de la UBMI, cómo maggie, tetis o aleph NO son para almacenar datos y están configurados para mejorar la velocidad de lectura/escritura. Si algo llega a fallar en el servidor, se perdería toda la información. Además, su espacio de almacenamiento es limitado. Por estas razones, te recomiendo respaldar tus resultados a tiempo.

3. He optado por no usar gestores de colas, apelando a la buena voluntad y conciencia de todos los usuarios. De modo que te pido que procures ser prudente con tus análisis, en el sentido de conocer el estado de una computadora que piensas usar. Por ejemplo, saber: quién está conectado, cuanta memoria RAM tiene disponible, cuanto espacio en Disco hay disponible, cuantos *cores* están en uso, etc. Si crees que necesitas ayuda con esto, con gusto podemos platicarlo. Como recomendación, puedes usar un máximo de 8 cores para un proceso de rutina.

4. Si piensas ejecutar un programa muy pesado (mucho uso de memoria RAM o de *cores*) en alguno de los servidores de la UBMI, avisa al encargado con antelación, para saber si esto afectará a otros usuarios y si es posible hacer el análisis. Con buena comunicación, podemos hacer mejor uso de los recursos.

5. Yo soy el administrador de las computadoras (apoot@ifc.unam.mx), de modo que solo yo puedo instalar programas en el sistema operativo. Si necesitas un programa en particular, puedes decirme y lo instalamos. Sin embargo, en tu carpeta personal (*/home/<usuario>*) tienes completa libertad.

6. Las computadoras tienen una instalación de Anaconda para uso general de todos los usuarios, pero te permite crear ambientes virtuales personales si así lo necesitas y sin tener que avisar al administrador. De modo que tienes mucha flexibilidad en tu carpeta personal, pero, si tienes un programa que puede ser útil para otros usuarios, puedes avisar al administrador para instalarlo y otros puedan usarlo.

Para obtener una lista de los ambientes virtuales disponibles en los equipos, puedes ejecutar el siguiente comando:

```
$ conda info -e
```

Para activar un ambiente virtual:

```
$ conda activate [nombre del ambiente virtual]
```

Para activar varios ambientes virtuales a la vez (no siempre funciona como uno quiere):

\$ conda activate [nombre del ambiente virtual] --stack

7. Cualquier duda o comentario, estoy al pendiente: apoot@ifc.unam.mx