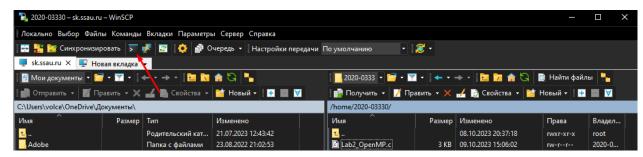
Здесь будет рассмотрен запуск на примере WinSCP

- 1. Подключаемся к кластеру, используя выданные логин и пароль.
- 2. Создаём файл название-с.с (файл С)/название-си.си (файл CUDA).
- 3. Открываем консоль



4. Компилируем файлы

4.1. Для OpenMP:

- 1. Прописываем module load intel/icc18 таким образом мы подгрузили нужные модули.
- 2. Для компиляции программы прописываем gcc -fopenmp -o test название-с.с. Здесь название-с.с созданный нами файл, a test название выходного. Обратите внимание, что у выходного файла не указывается расширение.

4.2 Для МРІ:

- 1. Прописываем module load intel/mpi4 таким образом мы подгрузили нужные модули.
- 2. Для компиляции программы прописываем mpicc -o test название-с.с. Здесь название-с.с созданный нами файл, а test название выходного. Обратите внимание, что у выходного файла не указывается расширение.

4.3 Для последовательной:

- 1. Прописываем module load intel/icc18 таким образом мы подгрузили нужные модули.
- 2. Для компиляции программы прописываем gcc -o test название-c.c. Здесь название-c.c созданный нами файл, а test название выходного. Обратите внимание, что у выходного файла не указывается расширение.
- 5. После того, как прописали команду, закрываем консоль.
- 6. Создаём скрипт: ПКМ → Новый → Файл. Создаём файл название.sh.
- 7. Прописываем в открывшемся файле скрипт.

```
7.1. Для OpenMP:
#!/bin/bash
#SBATCH --job-name=myjob
#SBATCH --time=00:03:00
#SBATCH --nodes=1 --ntasks-per-node=N
#SBATCH --mem=1gb
./test
7.2. Для МРІ:
#!/bin/bash
#SBATCH --job-name=myjob
#SBATCH --time=00:03:00
#SBATCH --nodes=1 --ntasks-per-node=N
#SBATCH --mem=1gb
export I MPI LIBRARY=/usr/lib64/slurm/mpi pmi2.so
srun --mpi=pmi2 ./test
7.3 Для последовательной:
#!/bin/bash
#SBATCH --job-name=myjob
#SBATCH --time=00:03:00
#SBATCH --nodes=1
#SBATCH --mem=1gb
./test
```

В строчке --ntasks-per-node=N N — желаемое количество процессов для одной ноды, ./test — путь до файла, созданного нами после компиляции. В строке --mem=1gb указывается количество памяти, которое будет выделено под вашу программу.

```
7.4 Для CUDA (компиляция и запуск в одном):

#!/bin/bash

#SBATCH --job-name=myjob

#SBATCH --nodes=1

#SBATCH --gres=gpu

#SBATCH --time=00:03:00

module load cuda/8.0

nvcc -g -G -O0 -DGRID_SIZE=<GRID_SIZE> -DBLOCK_SIZE=<BLOCK_SIZE>
-DNMAX=<NMAX> -lcublas -o название-си.bin название-си.cu
./название-си.bin
```

Параметры -DGRID_SIZE, -DBLOCK_SIZE и -DNMAX — необязательные. Вы можете их указать (после равно нужно указать свои значения), можете нет. -D заменяет, по сути, #define. Доступ к переменным в коде будет как обычно — будто они объявлены. Если вы решите не прописывать эти параметры, тогда переменные GRID_SIZE, BLOCK_SIZE и NMAX должны быть объявлены явно.

Также название-cu.bin — название выходного файла. Назвать его можно как угодно, только не забудьте поменять его и в строке ./ название-cu.bin.

В строчке --job-name=myjob myjob — имя вашей операции, которое будет отображаться в очереди — может быть любым. Строчка --time=00:03:00 отвечает за то, сколько времени отведётся для выполнения вашей программы на кластере. А в строчке с --nodes=M указывается число нод, на которых будет выполняться ваша программа (учтите, что когда запускаете программу на нескольких нодах и указываете в скрипте через --ntasks-per-node=N количество процессов для каждой ноды, в сумме у вас программа запустится на $M \cdot N$ процессах)

- 8. Сохраняем файл и закрываем его.
- 9. Открываем консоль и прописываем в ней sbatch название.sh, где название.sh созданный скрипт для запуска программы.
- 10. После выполнения скрипта в консоли должно появиться сообщение следующего типа:

Submitted batch job 41162

Это номер нашего скрипта, запущенного в работу. Просмотреть очередь можно с помощью команды squeue или squeue –1, которая покажет более подробную информацию.

- 11. Закрываем консоль и видим, что в папке после запуска скрипта появился файл slurm-номер.out, где хранится весь консольный вывод программы.
- 12. Ждём окончания выполнения программы.