**Acesso ao cluster do pgmc**

O acesso ao cluster do mmc pode ser feito usando SSH pelo terminal:

ssh seunomedeusuario@cluster.mmc.ufjf.br

depois disso o terminal pedirá a senha.

Na sequência, você terá acesso a pasta home do seu usuário.

Para conferir o que tem na pasta pode usar os comandos:

ls ou ls -l

Para encerrar a conexão digite

exit

Para copiar a pasta com o código que deseja executar use o comando **scp** a partir da sua máquina (se estiver logada use outro terminal ou encerre a conexão)**:**

**Exemplo (tudo na mesma linha):**

scp /GitRep/PrmFitting/HCV\_DE\_scipy\_long\_term/ senomedeusuario@cluster.mmc.ufjf.br:seunomedeusuario/HCV\_DE\_scipy\_long\_term/

Depois de copiado, o código pode ser editado se necessário usando editor no terminal (vim). Se a princípio for complicado, faça as modificações na sua máquina e depois copie para lá.

Não é possível executar o código diretamente nessa máquina de login pois isso impediria que outras pessoas usassem o cluster. Para executar o código, submetemos ele para uma fila de execução para ser executado em algum nó disponível. Usaremos as máquinas intel com 8 cores conforme explico a seguir.

Para submeter uma tarefa (job) a ser executada para a fila devemos passar algumas informações para o sistema de fila e para facilitar, criamos um script com essas informações básicas para não precisar digitar tudo novamente na linha de comando sempre que precisar submeter uma tarefa parecida.

Crie um arquivo no cluster na sua pasta inicial /home/ com o nome da tarefa com o conteúdo abaixo (no exemplo usei o Paciente B16 e chamei o job de jobB16).

Obs: Pode criar esse script na sua máquina e copiar para o cluster se for mais fácil.

O arquivo deve ter o seguinte conteúdo:

#!/bin/bash

#$ -N jobB16

#$ -cwd

#$ -j y

#$ -pe threaded 8

#$ -S /bin/bash

python3 /home/HCV\_DE\_scipy\_long\_term/Tests/B16\_cluster/differential\_evolution.py

No exemplo acima, na última linha (que começa com python3...) eu coloquei o caminho do script que quero executar a partir da minha pasta home. Para funcionar para você, deve alterar de acordo com o caminho da sua pasta. Pode criar uma pasta para cada paciente a princípio e depois consolidamos tudo.

Para enviar a tarefa para a fila, deve estar logada no cluster com ssh e usar o comando a seguir:

qsub -q all.q@compute-1-\* nomedojob

Onde está escrito nomedojob coloque o nome do arquivo com o script acima (que deve ser o mesmo nome que esta na segunda linha do script -N nomedojob).

Para cada execução deve criar um script e enviar para a fila.

Para conferir se está em execução ou se está aguardando na fila pode usar o comando:

qstat ou qstat -f

Para conferir todos que estão na fila use o comando:

qstat -f -u “\*”

Obs: as máquinas que estão com “au” estão desligadas.

**Importante:**

**Para garantir que usamos os cores disponíveis da máquina para execução paralela da evolução diferencial lembre de editar na chamada da função para incluir os parâmetros marcados em vermelho:**

sol\_pat = differential\_evolution(cost\_func, bounds, args=(pat,10\*\*pat[0]), maxiter=50, popsize=50, mutation=0.5, recombination=0.7**,updating='deferred',workers=-1**)