

Gromacs 2016.5 for LX with GPU support (gcc)

ウェブページ

<http://www.gromacs.org/>

バージョン

2016.5

ビルド環境

- GCC 5.3.1
- Intel MKL 2018 Update 2
- Intel MPI 2017.3.196
- FFTW 3.3.2 (sse enabled)
- cmake 2.8.12.2
- CUDA 8.0.61

ビルドに必要なファイル

- gromacs-2016.5.tar.gz
- (regressiontests-2016.5.tar.gz; テストセット)

ビルド手順

(EOF内部の行で行頭のタブがスペースに置き換えられています。このスクリプトを利用される際にはご注意ください。)

```
#!/bin/sh

VERSION=2016.5
SCL_TOOLSET=devtoolset-4
INSTALL_PREFIX=/local/apl/lx/gromacs2016.5-gnu-CUDA

BASEDIR=/home/users/${USER}
GROMACS_TARBALL=${BASEDIR}/gromacs-${VERSION}.tar.gz
#REGRESSION=${BASEDIR}/regressiontests-${VERSION} # unpacked

WORKDIR=/work/users/${USER}
#export OMP_NUM_THREADS=1

#-----
umask 0022

cd ${WORKDIR}
if [ -d gromacs-${VERSION} ]; then
    mv gromacs-${VERSION} gromacs_erase
    rm -rf gromacs_erase &
fi

tar xzf ${GROMACS_TARBALL}
cd gromacs-${VERSION}

# single precision, no MPI
scl enable ${SCL_TOOLSET} bash <<-EOF
    mkdir rccs-gnu-s
    cd rccs-gnu-s
    cmake .. \
        -DCMAKE_INSTALL_PREFIX=${INSTALL_PREFIX} \
        -DCMAKE_VERBOSE_MAKEFILE=ON \
        -DGMX_MPI=OFF \
        -DGMX_GPU=ON \
        -DGMX_DOUBLE=OFF \
        -DGMX_THREAD_MPI=ON \
        -DGMX_FFT_LIBRARY=fftw3 \
        -DGMX_USE_NVML=OFF \
```

```
-DREGRESSIONTEST_DOWNLOAD=OFF
make -j12 && make install
cd ..

# compiler setting for MPI versions
export CC=mpicc
export CXX=mpicxx
export F77=mpif90
export F90=mpif90
export FC=mpif90

# single precision, with MPI
mkdir rccs-gnu-mpi-s
cd rccs-gnu-mpi-s
cmake .. \
  -DCMAKE_INSTALL_PREFIX=${INSTALL_PREFIX} \
  -DCMAKE_VERBOSE_MAKEFILE=ON \
  -DGMX_MPI=ON \
  -DGMX_GPU=ON \
  -DGMX_DOUBLE=OFF \
  -DGMX_USE_NVML=OFF \
  -DGMX_THREAD_MPI=OFF \
  -DGMX_FFT_LIBRARY=fftw3 \
  -DREGRESSIONTEST_DOWNLOAD=OFF
make -j12 && make install
cd ..
EOF
```

注意

なぜかこのバージョンのみ -DGMX_USE_NVML=OFF をつける必要がある。(libnvidia-ml.so 関連の問題回避)