

## Exécution de CYMA2DV avec le compilateur gfortran sous Linux

- Télécharger le package CYMA2DV.tgz sur le site MEDOC :  
[https://idoc.ias.u-psud.fr/MEDOC/Radiative transfer codes](https://idoc.ias.u-psud.fr/MEDOC/Radiative_transfer_codes)
- Le compilateur **gfortran** est nécessaire. Taper les commandes suivantes dans un terminal :
- **tar -xvzf CYMA2DV.tgz**
- **cd CYMA2DV**
- Le répertoire contient les fichiers suivants : intinc.dat, tembri.dat, paramod.dat, makefile, cyma2dv.f90, visu.f90
- Le fichier à rectifier est ``paramod.dat''
- **make**
- **./cyma2dv**
- Les fichiers de sortie sont : cc2dhyv.log (résumé des itérations), resu2dv.dat (intensités émergentes pour le tracé des profils), popc2dv.dat (populations des niveaux de l'hydrogène), fort.8 (temps CPU)
- Le répertoire **results** contient les outputs correspondant à un cas test afin de vérifier si les résultats obtenus sont les mêmes
- Pour visualiser les résultats, on utilise le programme de visualisation visu.f90 en tapant les commandes suivantes :
  1. **gfortran -o visu visu.f90**
  2. **./visu**Le fichier de sortie est **cosbovi.ps**

Martine Chane-Yook