

HPC&CC - Máster en Bioinformática (2024/2025)

Entrega 4 : Informe de Valoración

Jose Francisco Costa Rubio

En este laboratorio hemos aprendido más formas de acelerar nuestros programas en python utilizando recursos con los que actualmente cuentan bastantes ordenadores convencionales y que permiten acelerar en gran medida el código. La librería multiprocessing nos ayuda a paralelizar programas para aprovechar los recursos de nuestra CPU, mientras que CuPy permite utilizar la GPU de forma sencilla gracias a su analogía con Numpy.

Este laboratorio es probablemente el que más me ha costado, y de lejos el que más me ha frustrado. Personalmente, llevaba al día la asignatura hasta que me quedé 4 días atascado con este laboratorio, sin conseguir por mí mismo de ninguna forma que me funcionara tan siquiera el primer código, del ejercicio de "multiprocessing". Reconozco que esto fue en gran medida culpa mía y de mi propia frustración, pero si en algún punto de la asignatura debo destacar la impotencia de estamparse una y otra vez con esta asignatura, mi caso particular ha sido este laboratorio. Decidí omitirla y continuar con el resto, pero ya me hizo cuesta arriba la asignatura hasta una semana después de acabar.

Tras dejarlo para el final y retomarlo, sigo considerandola una práctica muy tediosa. Pese a que aparentemente parece sencilla (que en esencia consiste simplemente en aplicar las funciones de multiprocessing y cupy), he perdido una cantidad absurda de horas sin entender por qué no funcionaba el código, o por qué no se ejecuta como debería.

Considero que, aún con una base relativamente decente de python, nos falta mucha base y experiencia manejando específicamente Numpy, que necesita tiempo para ella sola y que se ve muy de pasada en Sistemas Bioinformáticos. La gran mayoría de problemas que he tenido ha sido por no saber tratar con soltura con los array numpy.