

Ejercicio 8

Podemos colaborar en la investigación de una enfermedad cediendo tiempo de proceso de nuestro ordenador a un grupo de investigación mediante técnicas de **cómputo distribuido**, donde grandes tareas científicas se dividen en fragmentos más pequeños y se asignan a miles de computadoras voluntarias en todo el mundo.

Desde el punto de vista técnico, nuestro ordenador actúa como un **nodo de procesamiento**, ejecutando cálculos específicos relacionados con la simulación de proteínas, modelado molecular o análisis genético. Para ello, primero instalamos un software que gestiona la descarga de tareas desde un servidor central, ejecuta los cálculos en segundo plano y devuelve los resultados una vez completados.

El **IBM World Community Grid**, por ejemplo, emplea la plataforma **BOINC (Berkeley Open Infrastructure for Network Computing)** para coordinar el trabajo de miles de voluntarios. Este sistema distribuye fragmentos de datos a las computadoras participantes, que realizan los cálculos y los envían de vuelta para ser combinados en un resultado global.

Técnicamente, esto implica:

1. **Segmentación del problema** en tareas independientes que pueden ejecutarse en paralelo.
2. **Distribución de las tareas** mediante un servidor maestro que coordina los cálculos y asigna recursos de manera eficiente.
3. **Procesamiento en segundo plano**, sin afectar el rendimiento principal del equipo, aprovechando ciclos de CPU o GPU ociosos.
4. **Sincronización y tolerancia a fallos**, donde los cálculos pueden replicarse en diferentes nodos para validar su precisión y recuperar datos en caso de fallos.