

Informe de la práctica: Laboratorio Python HPC-Bio-Mendel

En esta práctica he trabajado con notebooks en Python y con la ejecución en un entorno HPC usando SLURM. Una de las cosas más positivas ha sido aprender a medir tiempos de ejecución y comparar resultados entre la versión secuencial y la ejecución en la cola. También me ha resultado útil integrar los resultados en celdas Markdown dentro del notebook, porque así queda todo documentado y más claro. La actividad extra de cálculo de π mediante Monte Carlo me ha parecido interesante, ya que me permitió aplicar un método sencillo de simulación y obtener un valor muy cercano al real, reforzando la idea de cómo se puede usar la aleatoriedad para resolver problemas matemáticos. Además, he afianzado el uso de GitHub como repositorio académico, asegurando que los archivos estén bien organizados y con los nombres correctos.

Por otro lado, también he tenido algunas dificultades. Al principio no estaba claro si debía subir los ficheros de salida de SLURM, y me generó dudas sobre qué archivos eran realmente necesarios para la entrega. También tuve problemas con los nombres de los archivos y con la edición de los notebooks, ya que en ocasiones tuve que descargarlos, modificarlos y volver a subirlos, lo que hizo el proceso más laborioso. En algunos casos los resultados de `%timeit` con valores grandes no eran tan intuitivos de interpretar. A pesar de estas complicaciones, he conseguido completar la práctica y dejar el repositorio con todo lo que se pide, incluyendo los notebooks, el script y la documentación de los resultados.