Concorrencia e Paralelismo. Bloque II Paralelismo Práctica 3: Descomposición de dominio: vector de similaridad de conjuntos de ADN

Primavera 2023



Datasets de secuencias de ADN

- M secuencias de texto
- Cada una con N bases (caracteres A,C,G,T,N)

Vector de similaridad

- Dados dos conjuntos de secuencias de ADN
- Medida de lo similares que son la secuencia i del primer conjunto y la secuencia i del segundo conjunto
 - M resultados: Los dos conjuntos deben tener el mismo número M de secuencias
 - SIMPLIFICACION: Todas las secuencias tienen el mismo número N de bases

Código secuencial

```
int main(int argc, char *argv[]){
int *data1, *data2, *result;
data1 = (int *) malloc(M*N*sizeof(int));
data2 = (int *) malloc(M*N*sizeof(int));
result = (int *) malloc(M*sizeof(int)):
/* Initialize Matrices */
. . .
for(i=0;i<M;i++) {
  result[i]=0;
  for(j=0;j<N;j++) {
    result[i] += base_distance(data1[i*N+j], data2[i*N+j]);
free(data1); free(data2); free(result);
```

Código secuencial: similarity.c

Descomposición de dominio

- Dividid las matrices entre p procesos, cada uno con rows = M/p filas (por simplicidad, empezad con el caso en que consideraremos que el número de procesos es múltiplo de M: M mod p = 0).
- Cada tarea se encargará de calcular M/p elementos del vector resultado.
- En la entrega considerad cualquier número de procesos, no solo múltiplos de M.

Paralelización

- Implementación SPMD.
- La inicialización de la matriz la hace el proceso 0.
- Distribuir datos a todos los procesos con operaciones colectivas
- Recolección del vector resultado con operaciones colectivas
- La E/S (printf) la hace el proceso 0.
- Imprimid por separado tiempo de comunicaciones y tiempo computación de cada proceso

- Puntuación: 0.75
- Deadline: 2 al 8* de Mayo
- Realización en mismas parejas que P1 y P2
- Defensa en clase de prácticas*