Concorrencia e Paralelismo. Bloque II Paralelismo

Práctica 3: Descomposición de dominio: vector de similaridad de conjuntos de ADN

Primavera 2023



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

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

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*