

Emilio Martínez Varela
DNI: 79344591L
Grupo: 1.4

En esta práctica trabajamos con un algoritmo que calcula la similitud entre dos secuencias de ADN. Nuestro programa recibe M secuencias de ADN de longitud n, es decir cada una de las secuencias tiene n bases.

Primero nos encargamos de inicializar **MPI**, **MPI_Comm_size** (que se encarga de determinar el número de procesos que están actualmente asociados a este) y **MPI_Comm_rank** (determina identificador del proceso que lo llama dentro del comunicador seleccionado). También calculamos el tamaño del bloque con `ceil(tamaño de M entre mpi_size redondeado hacia arriba)`.

Posteriormente hacemos mallocs en 0 para la data que recibe y los resultados parciales utilizando el **block_size** que definimos. También creamos malloc para **computing_times** y **communication_times** donde guardaremos los tiempos totales de cómputo y de comunicación. Se realizan dos **MPI_Scatter** (uno para cada data) que básicamente envía fragmentos de una matriz a diferentes procesos.

Entre medias calculamos los tiempos haciendo un `gettimeofday` antes y después del for y con la diferencia de estos dos valores obtenemos el tiempo de comunicación. Pero con esto no tenemos el tiempo total ya que aún nos queda realizar el **MPI_Gather** que realiza el mismo proceso que scatter pero al revés. Por lo que calculamos de nuevo la diferencia de tiempos y se lo sumamos al resultado anterior y de esta manera si obtenemos el tiempo total de comunicación. Aquí también calculamos la diferencia de tiempos para recibir el tiempo de cómputo.

Creamos una variable **end** la cual nos permite controlar que el último proceso pare antes y de esta manera no estaremos trabajando con posiciones de memoria "basura".

Para finalizar creamos un bucle que recorre cada proceso imprimiendo los tiempos de comunicación y de cómputo.