

SEMINARIO DE CÁLCULO PARALELO

GUIA DE TRABAJOS PRÁCTICOS Nº 1 USO BÁSICO DE MPI

1) Dados dos procesadores P0 y P1 el tiempo que tarda en enviarse un mensaje desde P0 hasta P1 es una función de la longitud del mensaje $T_{comm} = T_{comm}(n)$, donde n es el número de bytes en el mensaje. Si aproximamos esta relación por una recta, entonces

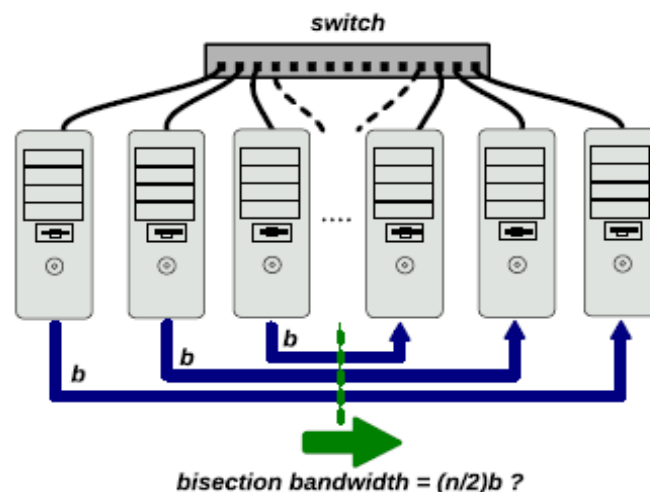
$$T_{comm} = l + \frac{n}{b}$$

donde l es la “latencia” y b es el “ancho de banda”. Ambos dependen del hardware, software de red (capa de TCP/IP en Linux) y la librería de paso de mensajes usada (MPI).

Para determinar el ancho de banda y latencia de la red, escribir un programa en MPI que envíe paquetes de diferente tamaños y realice una regresión lineal con los datos obtenidos. Obtener los parámetros para cualquier par de procesadores en el cluster. Comparar con los valores nominales de la red utilizada (por ejemplo, para Fast Ethernet: $b \approx 100\text{Mbit/sec}$, $l = O(100\mu\text{sec})$).

2) Para un dado número de procesadores (n) realizar una matriz de transferencia a los fines de detectar posibles inhomogeneidades en la velocidad de transferencia de datos entre los procesadores. Analizar la matriz obtenida.

3) El “ancho de banda de disección” de un cluster es la velocidad con la cual se transfieren datos simultáneamente desde $n/2$ de los procesadores a los otros $n/2$ procesadores. Asumiendo que la red es switchheada y que todos los procesadores están conectados al mismo switch, la velocidad de transferencia debería ser $\left(\frac{n}{2}\right) \cdot b$, pero podría ser que el switch tenga una máxima tasa de transferencia interna.



Tomar un número creciente de n procesadores, dividirlos arbitrariamente por la mitad y medir el ancho de banda para esa partición.
Comprobar si el ancho de banda de disección crece linealmente con n , es decir si existe algún límite interno para transferencia del switch.

4) Escribir un programa que dado el archivo `homo_sapiens_chromosome_1.fasta`, lo particione en n partes (donde n es el número total del procesadores), envíe cada una de esas porciones a los respectivos procesos y busque la cantidad de veces que aparece la base A (adenina), devolviendo al master la cantidad de veces que cada proceso contabilizó. Finalmente calcule el porcentaje de A en el cromosoma.