

IMPLEMENTACIÓN PARALELA DE UN ALGORITMO GENÉTICO PARA OPTIMIZAR EL DISEÑO DE LA MICROESTRUCTURA DE MATERIALES CON PROPIEDADES TERMICAS FUNCIÓN DE LA POSICIÓN

A. Rodriguez Carranza (1), M. Dondero (2) y A. Cisilino(2)

(1) *Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas
Universidad Nacional de Trujillo, Perú*

(2) *División Soldadura y Fractomecánica, INTEMA
Facultad de Ingeniería, Universidad Nacional de Mar del Plata - CONICET
Av. Juan B. Justo 4302 (7600) Mar del Plata, Argentina.*

E-mail (autor responsable): alexlar20@yahoo.es

E-mail (alternativo): cisilino@fi.mdp.edu.ar

Resumen

Los materiales con propiedades función de la posición (o Functionally Graded Materials en inglés) son materiales compuestos en los que la composición de su microestructura se ajusta en forma local con el objetivo de lograr una cierta graduación de sus propiedades. Esta idea puede ser utilizada por ejemplo en la producción de espumas poliméricas para aislamiento térmico. Las espumas consisten en una matriz termoplástica conteniendo poros rellenos con gas, donde la distribución espacial de los poros puede ajustarse para lograr propiedades de conducción térmica “a medida” según lo requiera el usuario.

Se presenta en este trabajo una herramienta numérica computacional para el diseño de la microestructura de espumas. La herramienta consiste en un algoritmo de optimización con el perfil de temperatura a lo largo de la muestra como función objetivo y la distribución espacial de los poros como variables de diseño. El algoritmo de optimización utiliza la metodología de los Algoritmos Genéticos (AG).

La implementación computacional se realiza en forma eficiente utilizando la formulación de Multipolos del Método de los Elementos de Contorno (FM-BEM) para el modelo térmico de la espuma mientras que el AG se ejecuta en forma paralela utilizando un clúster de PCs. La versatilidad de la herramienta se demuestra con dos ejemplos.

Palabras clave: Algoritmos Genéticos, Fast Multipole Method, Método de los Elementos de Contorno, Functionally Graded Materials.

1 INTRODUCCIÓN

Es normal que durante el desarrollo de un nuevo material que muchos aspectos de sus propiedades físicas y mecánicas no se encuentren completamente desarrollados y que la información experimental esté fragmentada o sea incluso inexistente. Es en esta situación que los modelos computacionales basados en la física del material y con la capacidad de predecir su comportamiento constituyen una herramienta clave para ganar en competitividad al reducir costos y tiempos de desarrollo.

Los materiales con propiedades función de la posición (FGMs) son materiales compuestos donde se varía localmente la composición de la microestructura para lograr un cambio en la propiedad local del material. Esta idea puede ser utilizada por ejemplo en la producción de espumas poliméricas para aislamiento térmico. Las espumas consisten en una matriz termoplástica conteniendo un alto porcentaje en volumen de pequeños poros rellenos con gas (S. G. Kazarian, 2000), la cual se asume en 2 dimensiones en el presente trabajo (ver Figura 1). Modificando entonces la distribución espacial de los poros se puede lograr propiedades de conducción térmica según requerimientos.

Sin embargo, existen algunas dificultades en el diseño computacional de propiedades macroscópicas de materiales formados a partir de una matriz base con poros distribuidos aleatoriamente. Estos problemas son (a) que la función objetivo es no-convexa (la función no es invertible), (b) la función objetivo no es diferenciable continuamente con respecto al espacio de diseño, y (c) la respuesta efectiva de diversas muestras de igual volumen pero distinta distribución aleatoria de los poros, exhiben fluctuaciones que derivan en “ruido” y dificultan la comparación del costo (es decir la diferencia entre la respuesta y el objetivo) para distintos diseños. Para superar estos inconvenientes Zohdi (Zohdi T.I, 2001) propuso la utilización de Algoritmos Genéticos (AG) para el diseño de materiales compuestos microestructurados.

El punto crítico en la implementación de AG es reducir al mínimo el tiempo de evaluación del costo de cada individuo, la cual puede ser llevada a cabo ciento o aún miles de veces. Pruebas preliminares permitieron establecer que la solución de un problema como el de la Figura 1 utilizando un algoritmo de BEM estándar, necesita de unos 53 segundos, mientras que con FM-BEM (Formulación Rápida de Multipolos del Método de Elementos de Contorno), demanda de tan solo 13 segundos. Por su parte el tiempo necesario para evaluar 100 individuos en 300 generaciones usando AG, sería de: $53 \times 100 \times 300 = 1590000s = 18,402$ días, mientras que con FM-BEM, $13 \times 100 \times 300 = 390000s = 4,51$ días. Como podemos ver el costo en tiempo de evaluación es elevadísimo. Por este motivo fue necesario realizar una implementación en paralelo del AG, y el uso de (FM-BEM) para la evaluación de la función costo.

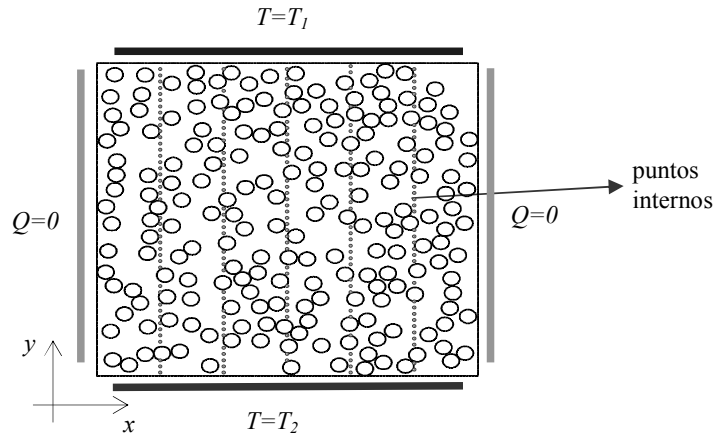


Figura 1. Elemento de volumen representativo con fracción constante de poros (30%), condiciones de contorno y distribución de los puntos internos (en gris).

2 HERRAMIENTAS COMPUTACIONALES

Para resolver el problema planteado, necesitaremos de las herramientas computacionales: la Formulación Rápida de Multipolos del Método de Elementos de Contorno (FM-BEM) para resolver el campo de temperaturas, el método de algoritmos genéticos como método de optimización y por último un cluster de PCs, para el procesamiento en paralelo. Estas son descritas brevemente a continuación.

2.1 BEM/FM-BEM

El método de los elementos de contorno es un método numérico, que solo precisa de la discretización del contorno del problema. En el BEM sólo hay que dividir al contorno del dominio en elementos, con lo que la dimensión del problema se reduce en un orden, es decir que para un problema en 2D se usan elementos 1D. Se reduce así el esfuerzo de discretización. El BEM se caracteriza además por proporcionar soluciones con un grado elevado de precisión, al aproximar los campos de temperatura y flujo en forma independiente. Por otro lado se presenta la desventaja que los coeficientes de la matriz del sistema es densa y el costo computacional con resolvedores lineales se eleva a orden cúbico con el número de incógnitas (Brebbia C.A. and Dominguez J., 1992).

El FM-BEM permite realizar el cómputo del producto matriz-vector de BEM a un costo numérico cuasi lineal. Esta reducción se alcanza mediante la división de los elementos de contorno en grupos multi niveles y el uso de expansiones en serie multipolo para la evaluación de la solución fundamental. El FM-BEM que se usó en este trabajo está basado en el trabajo de Liu y Nishimura (Y. J. Liu and N. Nishimura, 2006), y usa elementos constantes para la discretización del modelo. Las integrales son evaluadas en todos casos en forma analítica, mientras que la solución del sistema se realiza utilizando el resolvidor iterativo GMRES. Los parámetros del algoritmo FM-BEM se ajustaron para el mejor desempeño y precisión para el problema en análisis. Además, la estrategia de discretización está basada en un análisis de

convergencia realizado previamente (M. Dondero, A. Cisilino, 2006). El FM-BEM se utiliza en esta aplicación para obtener los valores de temperatura en puntos internos ubicados en el dominio de los modelos (ver Figura 1). Los detalles de la implementación del FM-BEM y su calibración, pueden encontrarse en (M. Dondero, A. Cisilino, G. Stavroulakis, 2007)

2.2 ALGORITMOS GENÉTICOS

Los algoritmos genéticos simulan la evolución natural, haciendo uso de los llamados operadores genéticos (D. E. Goldberg, 1999). Un AG posee la estructura general que se ilustra en la Figura 2,

- En primer lugar se deben identificar la función costo del problema, es decir la magnitud que se desea minimizar (o maximizar) y sus variables o parámetros.
- Luego, se define una población inicial de tamaño n (número de individuos en la población), generada de forma aleatoria. Cada individuo es representado como un arreglo de bits llamado *cromosoma*, en el se almacena la información genética. Esta representación es conocida como *codificación*. Un cromosoma a su vez está formado por genes, los cuales son codificados según un alfabeto. Si elegimos el alfabeto binario, un gen estaría dado por $gen_i = e_1...e_n$, donde $e_j \in \{0,1\}$ y representa el j -ésimo elemento del gen. El número de genes que tenga un cromosoma depende del número de parámetros que posea la función a optimizar. Por ejemplo, si la función a optimizar dependiera de n_{param} parámetros, el individuo k o posible solución, estará representado por: $I_k = cromosoma_k = [gen_1, \dots, gen_{n_{param}}]$. La longitud del cromosoma en este caso estará dada por $nBits = n_{param} * k$, donde k es la longitud del gen.
- La evaluación de la función objetivo (F.O) es utilizada para asignar un costo a cada individuo. Utilizando los valores de costo se procede a clasificar a los individuos según su nivel de adaptación, a través de un proceso de selección.
- Hecha la selección, los m mejor adaptados se reproducen, haciendo uso del operador *Cruce*. De esta forma se generan nuevos individuos (descendientes), los cuales son producto del intercambio genético de sus padres (R. L. Haupt and S. E. Haupt, 1998).
- A estos descendientes se les aplica el operador de *Mutación*, el que por medio de una probabilidad de ocurrencia muy baja realiza algún cambio aleatorio en los atributos o genes de cada cromosoma.
- Se crea una nueva población integrada por los descendientes de la generación previa y los individuos mejor adaptados de la generación anterior. Se verifica en la práctica que los individuos de la generación anterior que contienen información de la historia del problema ayudan a evitar que el algoritmo quede atrapado en un mínimo local. Quedan descartados para la nueva generación, los individuos peor adaptados de la generación previa.
- Todo este proceso se repite una cierta cantidad de veces hasta que el criterio de parada indique que se ha alcanzado una solución próxima a la ideal. El criterio de parada puede consistir en un valor objetivo para la función de costo $Min(F(x))$, o la detección de la convergencia del algoritmo cuando no se observa ninguna mejora en la evolución de la población luego de un número dado de generaciones.

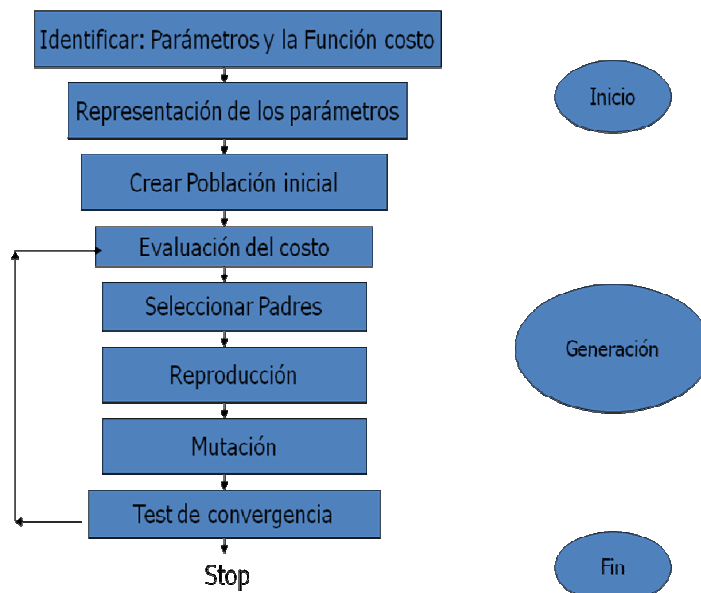


Figura2. Mecanismo general y parámetros de un Algoritmo genético

2.3 CLUSTER DE PCs

Un clúster son solo dos o más computadores de escritorio interconectadas mediante una red local de alta velocidad funcionando en paralelo. Los cluster constituyen una alternativa de bajo costo en comparación a las supercomputadoras, debido a lo sencillo de su infraestructura y al alto rendimiento de hoy de las máquinas de escritorio.

Comúnmente la arquitectura de un cluster se referencia según la propuesta del cluster tipo Beowulf, que cuenta con un nodo servidor y uno o más nodos cliente en red. El Beowulf se apoya en un sistema distribuido y utiliza mecanismos de paso de mensajes.

Un cluster tipo Beowulf funciona con una de dos librerías de transferencia de mensajes: MPI (Message Passing Interface) o con PVM (Parallel Virtual Machine). Estas librerías pasan información o datos entre los computadores (o nodos) del cluster (M. Storti, 2006). El cluster que usamos para este trabajo, fue proporcionado por la División Soldadura y Fractomecánica del INTEMA de la facultad de ingeniería de la Universidad Nacional de Mar del Plata. Este cuenta con una cantidad de 7 nodos Pentium IV y utiliza una librería de paso de mensaje MPI.

3 IMPLEMENTACIÓN COMPUTACIONAL

Se requiere optimizar el diseño de un material microporoso para que este resulte con propiedades térmicas función de la posición. De esta forma el problema a resolver consiste en optimizar la distribución espacial de los poros, para lograr así las propiedades térmicas propuestas como objetivo. La optimización se realizará utilizando la técnica de AG sobre un elemento de volumen representativo de material.

3.1 ELEMENTO DE VOLUMEN REPRESENTATIVO (EVR)

Para poder estudiar la respuesta macroscópica de un material heterogéneo, el tamaño de la muestra sobre la que se realizan los estudios debe ser representativo. Es decir la muestra debe ser suficientemente grande para contener un número de heterogeneidades suficientes para que los resultados obtenidos no se vean afectados por su tamaño (o por la cantidad de poros que contiene). La muestra que cumple con estos requerimientos se denomina Elemento de Volumen Representativo (EVR).

En el presente trabajo se realizó un estudio del elemento de volumen representativo (ver Figura 3), donde se estudió la variación de la energía almacenada en función del número de poros. Este estudio fue realizado utilizando muestras con una distribución homogénea de poros. Se eligieron tres fracciones de poros (volumen de poros / volumen): 10%, 30% y 45%, siendo esta última la fracción más grande que se pudo generar con un algoritmo de colocación de círculos de igual diámetro distribuidos aleatoriamente en una matriz. En todos los casos, para una dispersión menor al 0,5 % en el valor de la energía, un mínimo de 200 poros mostraron ser suficientes para determinar el EVR (es decir el valor de la energía resulta independiente del número de poros). Un modelo geométrico típico se observa en la Figura 1. El mismo consiste de un EVR cuadrado de dimensiones 45,7646 mm de lado, donde el radio de los huecos es fijo (de 1 mm), la cantidad de huecos es de 200 y la fracción hueca es del 30% ($f = 200 \cdot \pi / 45,7646^2$)

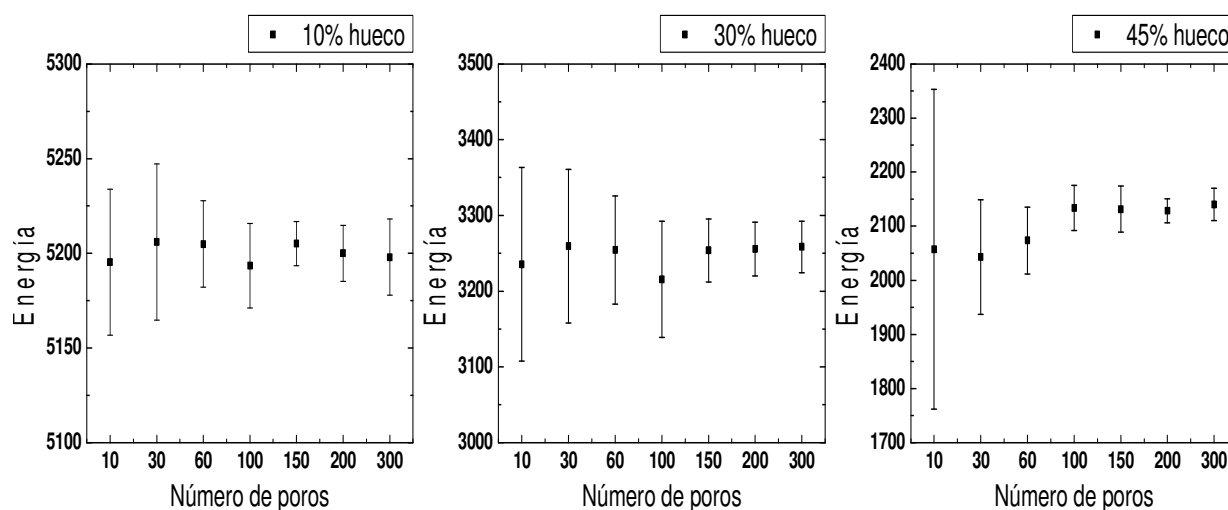


Figura 3. Energía almacenada en función del número de agujeros para distintas fracciones de poros. Las barras de error indican la dispersión de los resultados.

3.2 IMPLEMENTACIÓN DEL ALGORITMO GENÉTICO

El problema a resolver consiste en determinar la distribución de poros óptima (dada por la relación volumen de poros/volumen en función de la coordenada y , $f(y)$) para obtener un perfil de temperaturas preestablecido a lo largo de la muestra. Las condiciones de contorno de la muestra (Figura 1) son temperatura prescrita en dos lados opuestos (superior e inferior), mientras que las caras laterales están aisladas. Se desarrollarán dos estrategias para resolver el problema.

Como una primera aproximación, caso (a), se divide el dominio del problema en n zonas (bandas paralelas en la Figura 4a) de igual longitud con volumen de poros constante f_i , resultando en una definición por tramos de la fracción de poros total $f(y)$. El proceso de optimización, entonces, consiste en encontrar la fracción de volumen de poros para cada zona f_i con el objeto de obtener la distribución de temperaturas deseada $T(y)$ a lo largo de la muestra.

En la segunda estrategia, caso (b), se considera una distribución continua de la fracción de poros $f(y)$ de tipo polinómica (Figura 4b). Ahora el proceso de optimización consiste en encontrar los a_n coeficientes del polinomio $f(y)$ para obtener el perfil de temperatura requerido.

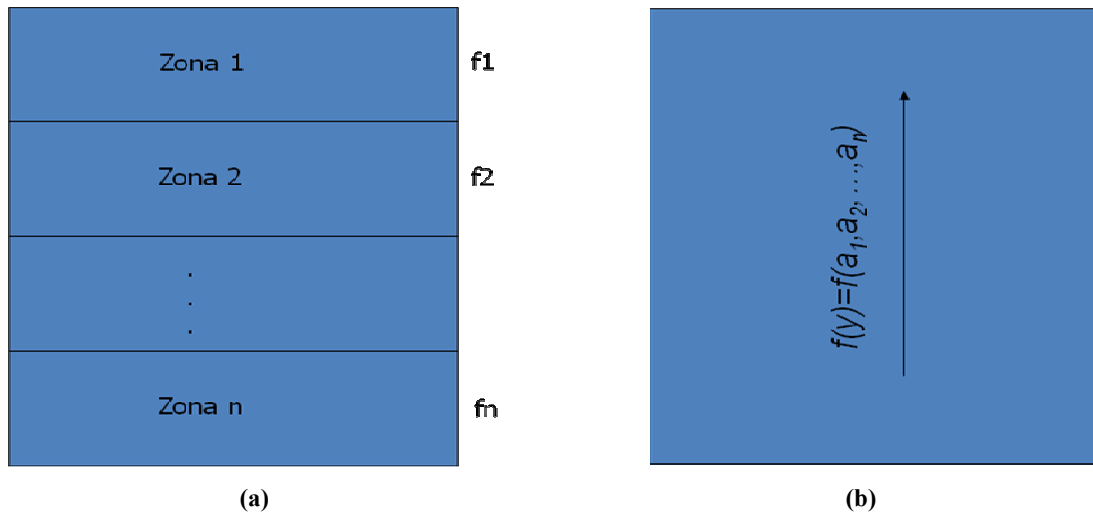


Figura 4. Esquema de distribución de la fracción de poros para las dos propuestas de solución.

La población inicial es el conjunto de posibles conFiguraciones de la distribución de poros, cada una de ellas representando un individuo. Dada la población inicial el algoritmo genético se encargara de operar y hacer evolucionar a los individuos hasta llegar a un individuo superior (mejor conFiguración de la distribución de poros). Como se muestra a continuación, la codificación de los individuos, depende de la estrategia de solución adoptada.

Para ambos casos, el cromosoma contiene la información de las variables de diseño. En la estrategia de solución del caso (a) la información que guardan los cromosomas es la fracción (f_i), de volumen de poros en cada zona. De esta manera, el individuo i quedaría representado (codificado) por:

$$cromosoma_i = [f_1, f_2, \dots, f_n]$$

mientras que en el caso (b) el cromosoma representa los coeficientes (a_i) de la función distribución continua de poros:

$$cromosoma_i = [a_1, a_2, \dots, a_n]$$

Podemos ver en la siguiente Figura 5 la codificación y decodificación de un individuo, para el caso (a). El proceso es similar para el caso (b) con los coeficientes del polinomio.

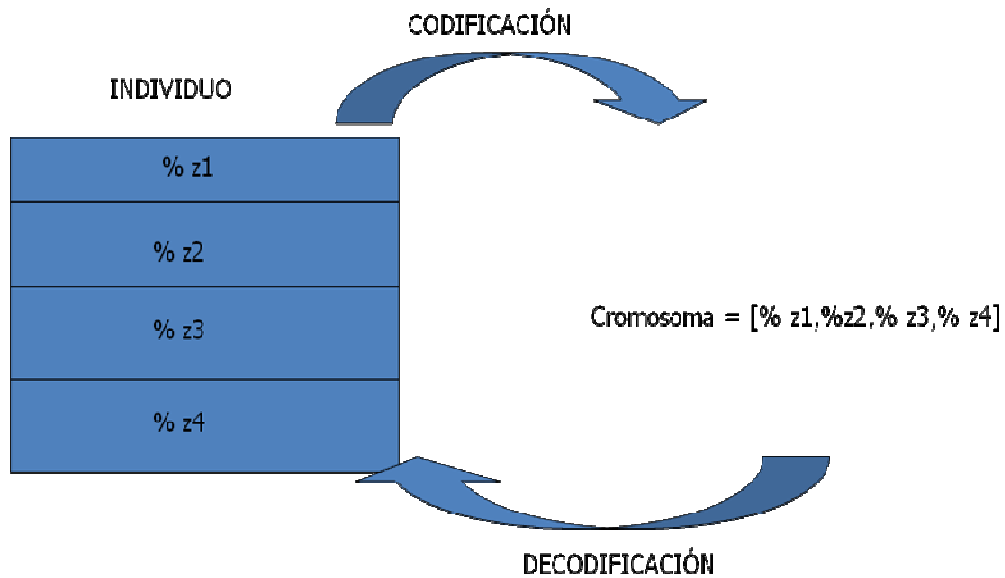


Figura5. Codificación de un individuo para el caso de distribución de poros por zonas

A partir de los resultados del análisis por FM-BEM se evalúa la adaptación de los individuos (el valor de la función costo evaluada en cada individuo). La variación del potencial a lo largo de la muestra se realiza mediante el uso de puntos internos (ver Figura 1) y luego se determina su desviación con respecto a la función objetivo $T(y)$ mediante un esquema de cuadrados mínimos

$$fitness(individuo_i) = \sqrt{\sum_{j=1}^n [T(y_j) - t_j]^2},$$

donde t_j es la temperatura en el punto interno j -ésimo y n el número de puntos internos. Finalmente, usando el método de torneo, se obtiene una selección natural. Así, la siguiente generación se forma con el individuo de mejor adaptación de la generación precedente (individuo de élite), individuos que resultan del cruzamiento (descendencia) de los más aptos de la generación anterior (ver Figura 6), e individuos generados por la mutación de los mejores adaptados de la generación anterior.



Figura 6. Esquema del operador cruce para el caso de distribución de agujeros por zonas

3.3 IMPLEMENTACIÓN PARALELA DE UN AG

El método de los algoritmos genéticos se puede implementar de manera relativamente sencilla en un entorno en paralelo, debido a que las evaluaciones de la función costo (adaptación de los individuos) son independientes entre sí. En nuestro caso, optamos por utilizar la implementación de los AG en el modelo *master-slave*, en donde el nodo *master* se encarga de crear las poblaciones en cada generación, mientras que los nodos *slaves* son los encargados de evaluar la adaptación de los individuos. Es decir la generación de los individuos la realiza el nodo *master* y la evaluación de la función costo es tarea de los nodos *slave*. Los detalles de la implementación en paralelo las damos en el [Algoritmo 1](#).

```

Inicio AG_PA
  //antes se definen las posiciones de los nodos, 0=master, cualquier otro=slave//
  if(myrank=0)then //asignándole la tarea al master//
    Call AG_MASTER
    //ciclo general
    if(fitness(individuo)<fitness(requerido))then
      Generar_Población (P)
      Cruza y mutación (P)
    End if
  else if //asignándole la tarea a los nodos slaves//
    Call AG_SLAVE
    Evaluación de la población (P)
  end if
end program

```

Algoritmo 1: Implementación Paralela del algoritmo genético

4 EJEMPLOS DE APLICACIÓN

A continuación se muestran los resultados obtenidos para un ejemplo de aplicación. Este consiste en optimizar la distribución espacial de poros para obtener un perfil de temperaturas cuadrático de la forma:

$$T(y) = (T_2 - T_1) \cdot \left(\frac{y}{L}\right)^2,$$

donde $L=20\text{mm}$ es largo del lado de la placa. Las temperaturas son $T_1=0^\circ\text{C}$ y $T_2=100^\circ\text{C}$.

Para el esquema de solución (a), se divide la placa en 4 zonas. El cromosoma tiene un largo de $n=4$, siendo las fracciones de volumen de poros las variables de optimización, f_1, f_2, f_3 , y f_4 .

Para obtener las distintas conFIGuraciones de las muestras, se implemento un algoritmo, que genera distribuciones aleatorias en cada una de las cuatro zonas. Se tuvo en cuenta la no intersección de los poros haciendo uso de una “piel” (0,005mm) que impone la separación mínima entre estos. Los parámetros del AG usados en el cálculo fueron 100 individuos por generación y 10 generaciones.

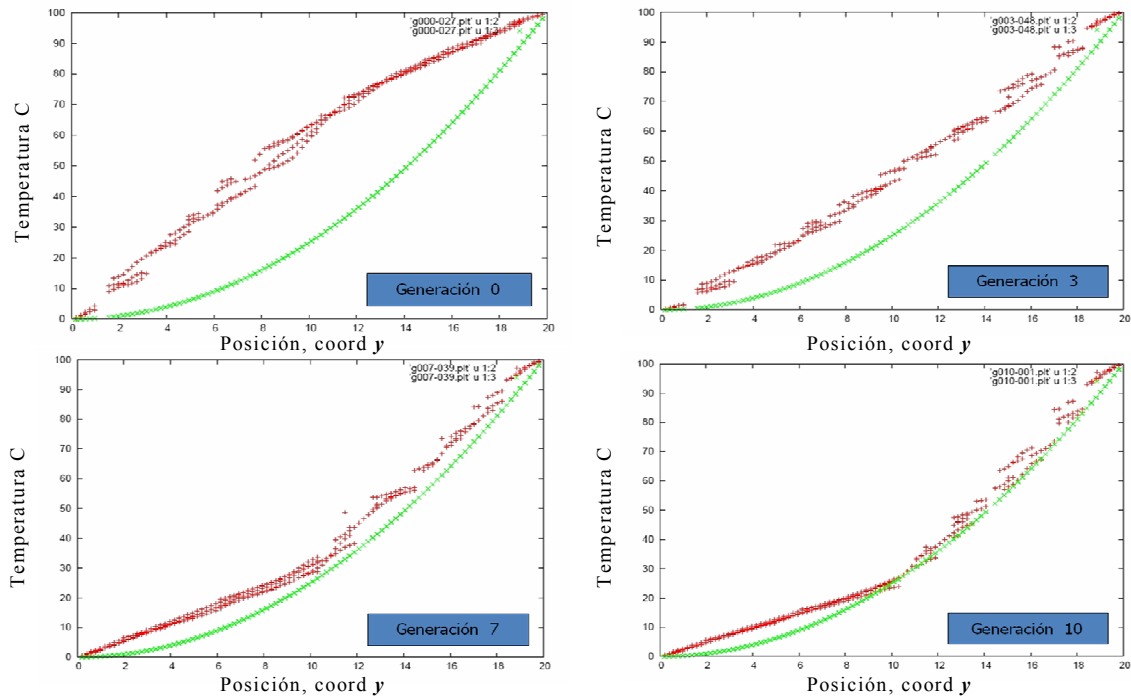


Figura 7. Perfiles de temperaturas objetivo (x verde) y calculado (+ rojo) a lo largo de la muestra para las generaciones 1, 4, 7 y 10.

En la [Figura 7](#) se pueden ver los resultados de la evolución del perfil térmico en los puntos internos, con el avance de las generaciones. Se observa también una clara reducción del valor de la adaptación a medida que avanzan las generaciones ([Figura 8a](#)). Los valores de adaptación en la figura se presentan normalizados con respecto al valor obtenido en la primera generación. Obteniéndose una configuración final de la placa con distribución de poros por zonas dada en la [Figura 8b](#). Los valores solución para las fracciones de poro para cada zona son: $f_1=0.017$, $f_2=0.030$, $f_3=0.490$, y $f_4=0.470$.

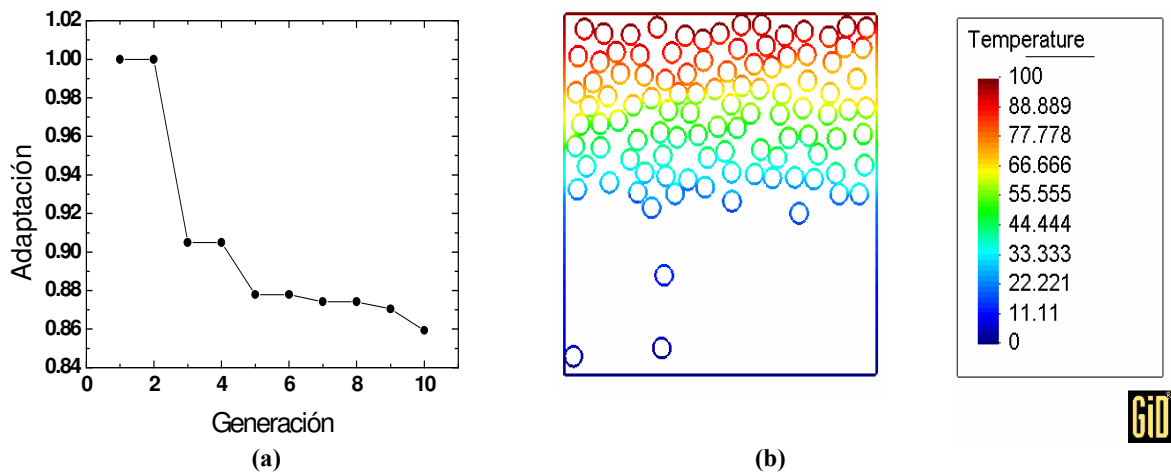


Figura 8. Evolución del costo del algoritmo genético (adaptación), conFiguración final de la placa.

En el caso (b) se repite el problema del caso (a) pero se utiliza una distribución continua de poros, $f(y) = a_1 + a_2 y + a_3 y^2 + a_4 y^3$. La población inicial del AG se generan de forma aleatoria, asignando los valores de los coeficientes del polinomio en el rango $\pm 0.5E-7$. De esta forma se asegura que en ningún caso la fracción de volumen de poros $f(y)$ supere el valor máximo $f=0.5$. Desde allí en adelante el AG se encargará de la evolución de los mismos hasta llegar al individuo mejor adaptado. En este problema se usaron 40 generaciones y 400 individuos por generación. Los coeficientes ganadores fueron: $a_1=1.102E-3$, $a_2=9.517E-9$, $a_3=5.273E-5$, $a_4=4.904E-7$. En la [Figura 9](#) se pueden ver los resultados de la evolución del perfil de temperaturas en los puntos internos con el avance de las generaciones 0, 15, 25 y 40.

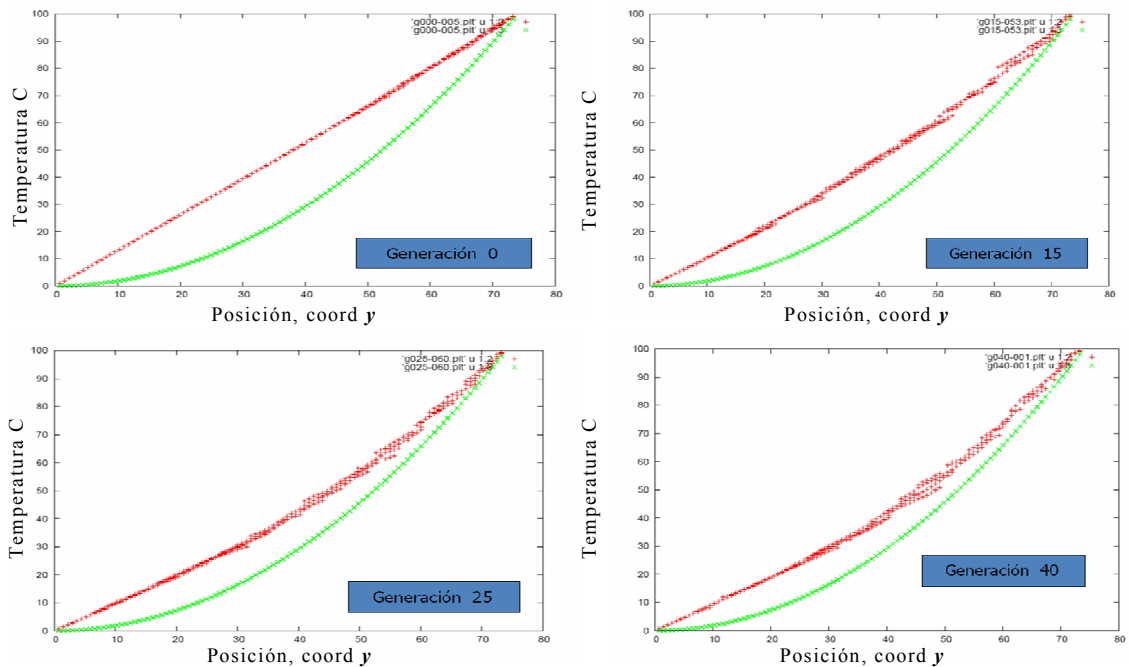


Figura 9. Temperaturas a lo largo de la muestra para distintas generaciones.

La evolución de la adaptación (Figura 10a) muestra una meseta en el costo del algoritmo genético. En la Figura 10b se observa la configuración geométrica del individuo ganador y su distribución de temperaturas.

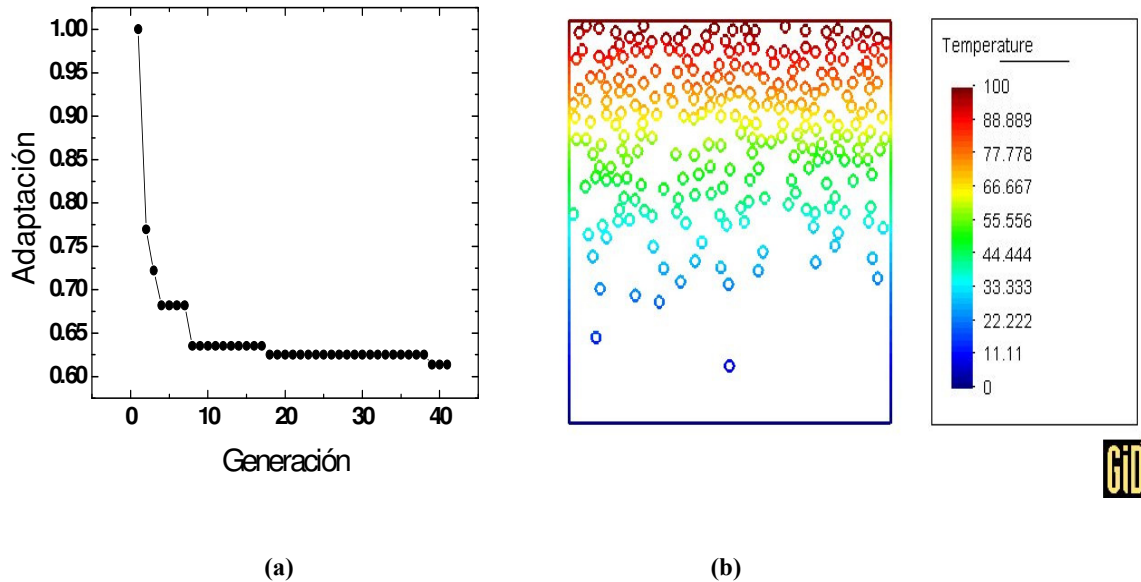


Figura 10. Evolución del costo del algoritmo genético (adaptación), configuración final de la placa.

5 MEDICIÓN DE LA EFICIENCIA DE LA IMPLEMENTACIÓN EN PARALELO

El beneficio del cálculo en paralelo se evalúa a partir de los indicadores de speed-up y la eficiencia. Tomando como base el tiempo requerido para la evaluación de una población de 100 individuos utilizando 7 nodos, se obtuvieron los siguientes resultados:

Tiempo Secuencial para población de 100 individuos: 100 indiv. x 13s = 1300s.

Tiempo en Paralelo, para población de 100 individuos = 197,4s.

$$SpeedUp = \frac{TiempoSecuencial}{TiempoParalelo} = 6,56$$

$$Eficiencia = \frac{SpeedUp}{NúmeroNodos} = 0,93$$

Podemos ver que la implementación del algoritmo en paralelo tiene un alto grado de eficiencia (aproximadamente un 93%)

6 CONCLUSIONES

Se desarrolló una herramienta numérica computacional para el diseño de la microestructura de espumas con propiedades térmicas función de la posición. La herramienta consiste en un algoritmo de optimización con el perfil de temperatura a lo largo de la muestra como función objetivo y la distribución espacial de los poros como variables de diseño. El algoritmo de optimización utiliza la metodología de los Algoritmos Genéticos (AG).

La herramienta fue desarrollada teniendo en consideración su costo computacional. Con este objetivo se realizó una implementación en paralelo del AG y se utiliza un algoritmo de FM-BEM para la evaluación de la función objetivo.

El desempeño de la herramienta propuesta se ilustra con un ejemplo. Este fue resuelto utilizando estrategias. La primera considera una variación constante por tramos de la distribución de poros, mientras que la segunda considera una variación continua de forma polinómica. Los resultados obtenidos permitieron concluir que el esquema de solución por tramos es el más satisfactorio. Sin embargo este deberá ser adaptado para usar interpolaciones de mayor orden en cada tramo (lineales o cuadráticos).

7 AGRADECIMIENTOS

Este trabajo ha sido parcialmente financiado por el proyecto PICT 12-14114 de la Agencia Nacional de Producción Científica y Tecnológica y el proyecto ALFA ELBENET “Europe-Latin America Boundary Element Method” auspiciado por la Unión Europea.

REFERENCIAS

- S. G. Kazarian “Polymer Processing with Supercritical Fluids” Poly Sci Ser. C, Vol 42, No 1, 78-101, (2000)
- Zohdi T.I. “Analysis and Design of Microheterogeneous Composite Materials”. CISM Course Notes, International Centre for Mechanical Sciences, Udine, Italy, 2001
- D. E. Goldberg “Genetic Algorithms in search, optimization & machine learning”, Addison-Wesley, USA (1999), ISBN 0-201-15767-5
- R. L. Haupt and S. E. Haupt “Practical genetic algorithms”, Wiley-Interscience, New York, USA (1998), ISBN 0-471-18873-5
- Brebbia C.A. and Dominguez J., “Boundary Elements, An Introductory Course”, Comp. Mech. Pub. McGraw-Hill Book Company, Great Britain (1992), ISBN 1-85312-160-6
- Y. J. Liu and N. Nishimura, “The fast multipole boundary element method for potential problems: a tutorial”, Engineering Analysis with Boundary Elements, 30, 5, 371-381 (2006)
- M. Dondero, A. Cisilino, “Micro And Nano Computational Materials: Analysis Of Heat Transportation In Thermoplastic Polymer Foams By FMM-BEM”, PASI 06 on Nano and Biotechnology, Bariloche, Argentina, 2006.
- M. Dondero, A. Cisilino, G. Stavroulakis “Implementación de una formulación rápida de Multipolos Aplicados al Método de Elementos de Contorno”, ENIEF 2007, Argentina, 2007
- M. Storti, “Introducción al Cálculo en Paralelo, Curso: Cálculo científico en computadoras paralelas, MPI y PETSc”, Mar del Plata, Argentina, 2006.