

Sistemi e Architetture per Big Data - AA 2020/2021

Primo progetto

Giuseppe Lasco

Dipartimento di Ingegneria dell'Informazione
Università degli studi di Roma "Tor Vergata"
Roma, Italia
giuseppe.lasco17@gmail.com

Marco Marcucci

Dipartimento di Ingegneria dell'Informazione
Università degli studi di Roma "Tor Vergata"
Roma, Italia
marco.marcucci96@gmail.com

Abstract—Questo documento riporta i dettagli implementativi riguardanti l'analisi mediante *Spark* dei dataset contenenti informazioni relative all'andamento nazionale italiano dei vaccini effettuati. Viene, inoltre, descritta l'architettura a supporto dell'analisi e gli ulteriori *framework* utilizzati.

I. INTRODUZIONE

L'analisi effettuata si pone lo scopo di valutare delle statistiche relative ai vaccini contro il COVID-19, su dati resi disponibili dal Commissario straordinario per l'emergenza Covid-19, Presidenza del Consiglio dei Ministri.

Dataset

Il primo file preso in considerazione è *punti-somministrazione-tipologia.csv*, il quale contiene dati sui punti di somministrazione per ciascuna Regione e Provincia Autonoma.

Il secondo file preso in considerazione è *somministrazioni-vaccini-latest.csv*, il quale contiene dati sulle somministrazioni giornaliere dei vaccini suddivisi per regioni, fasce d'età e categorie di appartenenza dei soggetti vaccinati. Tale dataset risulta ordinato per data, inoltre è stata riscontrata l'assenza di numerose tuple relative a delle specifiche regioni, fasce d'età e mesi. Questo fenomeno ha reso necessario un intervento di preprocessamento utile a inserire date mancanti per rendere più accurato il lavoro di regressione sui dati, sotto l'assunzione che i dati mancanti fossero dovuti all'assenza di vaccinazioni in un determinato giorno.

Il terzo file preso in considerazione è *somministrazioni-vaccini-summary-latest.csv*, il quale contiene dati sul totale delle somministrazioni giornaliere per regioni e categorie di appartenenza dei soggetti vaccinati. Il dataset in questione risulta, invece, non ordinato, per cui si è reso necessario un effort di preprocessamento al fine di ordinarlo.

L'ultimo file preso in considerazione è *totale-popolazione.csv*, che tiene traccia della popolazione totale residente in una data Regione o Provincia Autonoma.

Query

L'obiettivo di questo progetto è quello di implementare ed eseguire tre query utilizzando *Spark*.

La prima query ha come scopo quello di calcolare il numero medio di vaccinazioni giornaliere in ciascun centro di ciascuna area.

La seconda consiste nel determinare le prime 5 aree per le quali è previsto il maggior numero di vaccinazioni il primo giorno del mese successivo, per le donne, per ogni fascia anagrafica e per ogni mese solare. A tale scopo si utilizza una retta di regressione, addestrata sui dati relativi al mese precedente a quello per cui viene fatta la predizione al primo giorno. I dati presi in considerazione partono dal 1 Febbraio 2021.

L'ultima query prevede di effettuare una previsione della percentuale totale delle somministrazioni dei vaccini al 1 Giugno 2021 per ogni regione, utilizzando tutti i dati relativi ai mesi precedenti, a partire dal 27 Dicembre 2020. Inoltre, vengono utilizzati due algoritmi di clustering in grado di raggruppare le Regioni in base alla previsione sopra citata.

Framework

Il progetto prevede l'utilizzo di alcuni *framework* che permettono di rendere la computazione parallela e distribuita. Come *framework* di processamento batch è stato utilizzato *Apache Spark* che comunica con lo storage distribuito *Hadoop Distributed File System*. Per la raccolta dei risultati è stato impiegato *HBase*, uno storage No-SQL column family. Infine, come *framework* di data ingestion è stato utilizzato *NiFi*.

II. ARCHITETTURA

L'architettura si compone di un insieme di container *Docker*, su cui eseguono i servizi introdotti precedentemente. Inoltre, sempre sulla stessa macchina, una JVM ospita l'esecuzione di *Apache Spark*. I container comunicano attraverso la stessa rete, creata appositamente.

NiFi

NiFi è il servizio che permette di recuperare i dataset in formato *comma separated value* da *GitHub*, trasformarli in formato *parquet* e inviarli al servizio di storage distribuito *HDFS*. Inoltre, tale servizio si occupa di eliminare le colonne considerate di scarso interesse ai fini dell'applicazione, conservando quelle utili, anche per eventuali aggiornamenti delle query o aggiunta di nuove. Tale *framework* è stato istanziato

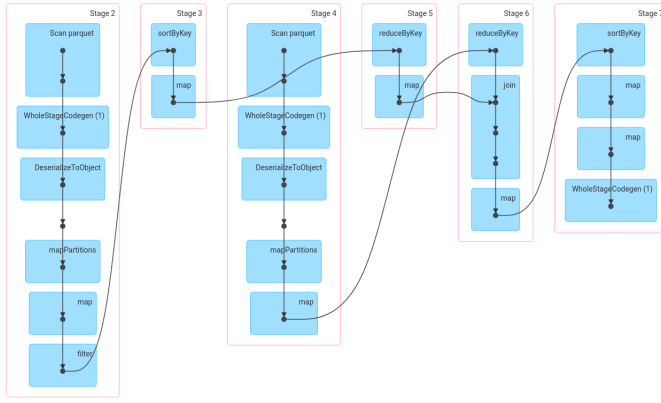


Fig. 3: DAG query 1

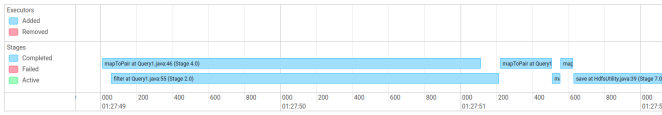


Fig. 4: Event Timeline query 1

"groupByKey" è stata applicata al fine di raggruppare tutte le tuple *data*, *numero somministrazioni giornaliere* relative ad una certa regione e fascia anagrafica. Per ogni mese è stato eseguito una operazione di inserimento di date e valori mancanti ed è stata effettuata *regressione lineare*, in modo da prevedere il numero di donne vaccinate al primo giorno del mese successivo. Quest'ultimo passo ha previsto operazioni di raggruppamento e ordinamento. Il modello di regressione lineare è stato addestrato attraverso l'implementazione fornita dalla libreria di regressione di Apache Commons.

In figura 5 e 6 è possibile osservare rispettivamente il DAG e l'*event timeline* relativi alla seconda query.

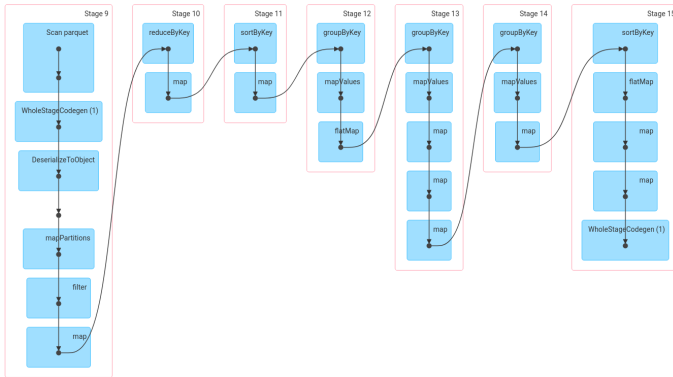


Fig. 5: DAG query 2

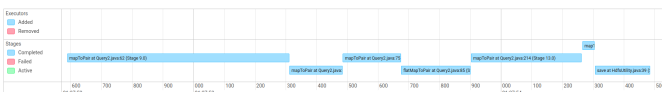


Fig. 6: Event Timeline query 2

Query 3

L'ultima *query* fa uso dei dati presenti nei file *somministrazioni-vaccini-summary-latest.parquet* e *totale-popolazione.parquet*. In seguito è stato effettuato il caricamento dei file e la trasformazione in *JavaPairRDD*. Sui dati relativi a *somministrazioni-vaccini-summary-latest* si è proceduto al raggruppamento delle tuple *data*, *numero somministrazioni giornaliere* per ogni regione, questa operazione ha permesso di svolgere regressione lineare su tutti i giorni dal 27 Dicembre 2020 al 31 Maggio 2021, in modo da prevedere il numero di vaccini effettuati in data 1 Giugno 2021. Una "*reduceByKey*", sulle regioni del medesimo file, ha, invece, permesso di calcolare il totale di vaccini effettuati dal 27 Dicembre 2020 al 31 Maggio 2021. Infine, l'operazione di somma tra le proiezioni e il totale calcolato, consentita dall'operazione di "*join*", ha decretato il numero totale previsto di vaccinati per regione al 1 Giugno 2021. Il "*join*" tra l'*RDD* in questione e quello contenente il numero totale di abitanti residenti in ciascuna regione (*totale-popolazione*), ha reso possibile calcolare la percentuale prevista di vaccinati complessivi al 1 Giugno 2021. Utilizzando due modelli presenti in *MLLib*, è stato effettuato *clustering* utilizzando i risultati precedenti come dataset, con numero di cluster variabile da 2 a 5. Gli algoritmi utilizzati sono *K-means* e *Bisecting K-means*, mentre per la regressione è stata utilizzata l'implementazione fornita dalla libreria di regressione di Apache Commons.

In figura 7 e 8 è possibile osservare il DAG e l'*event timeline* relativi alla terza query. In riferimento agli stage 18 e 19 del DAG, è possibile notare l'uso dell'operazione *cache* sull'*RDD* filtrato relativo a *somministrazioni-vaccini-summary-latest*, per via dell'impiego indipendente di quest'ultimo negli stage 20 e 21. Come si può inferire dall'*event timeline*, alcuni stage vengono eseguiti parallelamente.

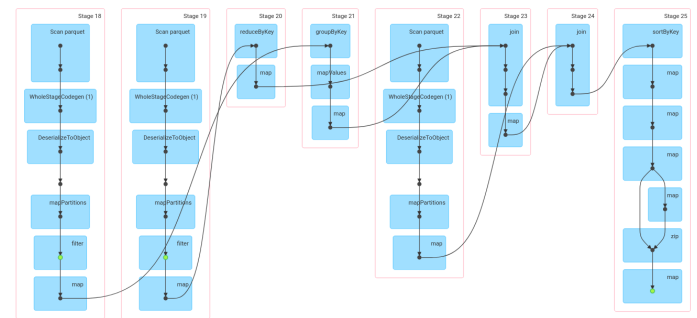


Fig. 7: DAG query 3

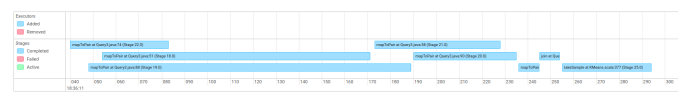


Fig. 8: Event Timeline query 3

IV. BENCHMARK

L'esecuzione del progetto e la valutazione delle prestazioni sono state eseguite su *Linux Xubuntu* basato su *Ubuntu 20.04 LTS* virtualizzato tramite *VBox*, *CPU AMD Ryzen 3600*, 6 core, 12 thread (di cui 10 assegnati alla VM) e 16 GB di RAM (di cui 9 assegnati alla VM), con archiviazione su *SSD*.

TABLE I: Tempi esecuzione query

Query	Media	Varianza
Query 1	221.1	41.1
Query 2	925.2	34.2
Query 3	2778.4	260.3

*I tempi sono espressi in millisecondi.

In tabella I sono riportati i tempi di processamento delle query. Sono state considerate le performance al netto di sturtup della *Java Virtual Machine* su cui *Spark* opera e caricamento dei file dall'*HDFS*. I tempi scrittura dei risultati sul *file system distribuito*, invece, sono stati considerati, in modo da rendere effettive tutte le operazioni (trasformazioni) eseguite da *Spark*. Come si può notare, la query 3 risulta molto più lenta delle altre due, che, invece, mostrano risultati migliori. Tale evidenza è causata dall'inclusione, nel totale, dei tempi di addestramento degli algoritmi di *clustering*, che possono essere osservati in tabella II.

TABLE II: Tempi esecuzione clustering

Numero cluster	Modello			
	K-means		Bisecting K-means	
	Media	Varianza	Media	Varianza
2	347.3	43.6	203.2	62.4
3	136.2	21.6	127.1	24.8
4	153.1	39.5	148.2	25.5
5	148.9	51.9	144.3	42.1

*I tempi sono espressi in millisecondi.

Sempre dalla tabella II è possibile notare che i tempi di addestramento del primo modello (*K-Means con numero di cluster pari a 2*) risultano superiori a quelli relativi alle successive combinazioni. Questo dovuto al caching effettuato da *MLlib* dopo la prima esecuzione del modello di clustering, come si evince dalla figura 9 che raffigura il DAG della seconda esecuzione di tale modello.

TABLE III: Costo clustering: WSSSE

Numero cluster	Modello	
	K-means	Bisecting K-means
2	0.005392	0.005639
3	0.003129	0.002325
4	0.001469	0.001585
5	0.000751	0.000751

In tabella III, invece, è possibile osservare come il *Within Set Sum of Squared Error* medio, per i due algoritmi di *clustering*, decresca al crescere del numero di cluster, anche se questo

non è scontato per via dell'inizializzazione randomica dei centroidi.

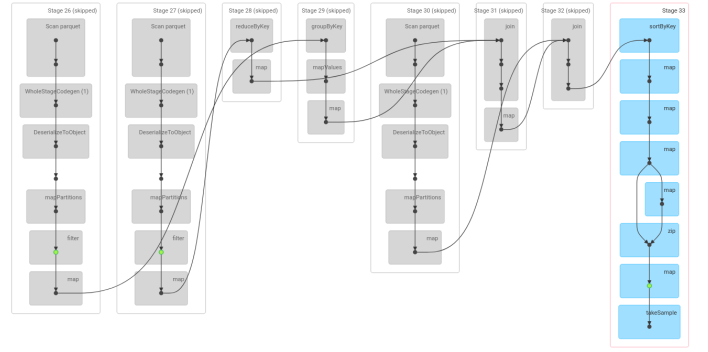


Fig. 9: DAG query 3, secondo run cluster

REFERENCES

- [1] <https://spark.apache.org/docs/latest/>
- [2] <https://stackoverflow.com/>
- [3] <https://nifi.apache.org/>
- [4] <https://hadoop.apache.org/docs/stable/>
- [5] <http://spark.apache.org/docs/latest/ml-guide.html>
- [6] <https://commons.apache.org/proper/commons-math/javadocs/api-3.3/org/apache/commons/math3/stat/regression/SimpleRegression.html>