EP 2

Diogo José Costa Alves (13709881)

Implementar própria versão da operação broadcast na função custom bcast.

Resposta:

A função foi implementada utilizando o par MPI_Send e MPI_Recv . O processo root chama a função MPI_Send para enviar o dado para cada um dos processos secundários.

Já, cada um dos processos secundários chama uma única vez o MPI_Recv apontando para conexão simétrica ao processo principal.

Checagem

Para confirmação que a implementação estava correta foram executadas, de forma exaustiva, a checagem das saídas de todas a combinações de tamanho do array, rank do processo root e número de processos.

O código da automação da checagem está nos anexos.

MPI_Barrier não garante ordem da impressão do debug

Enquanto tentava confirmar que a implementação da tarefa estava correta percebi que algumas vezes a impressão da saída do debug aparecia levemente truncada.

Espalhei vários MPI_Barrier() pelo código mas eventualmente minha checagem automática continuava falhando por causa da impressão fora de ordem.

Pesquisando sobre o assunto, encontrei um tópico no Stack Overflow que explicava que o MPI_Barrier() não garante a ordem de impressão de múltiplos processos.

Para resolver essa questão e passar na checagem automática, adicionei um sleep(1) após cada impressão, e não tive mais problemas. Essa sugestão de alteração foi submetida como uma pull request no repositório de código da tarefa.

Execute experimentos para verificar como varia o tempo de execução em função do número de processos (num_procces) e da quantidade de dados transferidos entre processos (array_size), para cada uma das versões do broadcast (MPI_Bcast e custom_bcast).

Resposta:

A partir da combinação dos parâmetros de entrada num_procces e array_size foi executado um experimento para medir o tempo de execução médio das duas implementações.

Parâmetros:

```
array_sizes = (2**10, 2**11, 2**12, 2**13, 2**14, 2**15, 2**16, 2**17)
num processes = (1, 2, 4, 8, 16, 32)
```

Dessa vez, precisei rodar os experimentos em um notebook modesto com capacidade para rodar apenas 4 threads. Por isso, foi necessário utilizar a **flag –oversubscribe** para executar mais de um processo por slot.

Para estimar o intervalo de confiança das amostras foi utilizado o Teorema do Limite Central . O Teorema do Limite Central afirma que, se você obtiver uma quantidade de amostras suficientemente grande de qualquer população, a distribuição das médias amostrais será aproximadamente uma distribuição normal. Observação: Quando não conhecemos a distribuição de origem, o **suficientemente grande** significa $n \geq 30$. Caso a população de origem seja distribuída como uma normal, esse valor pode ser menor do que 30.

A partir dessa amostragem conseguimos realizar as seguinte inferências:

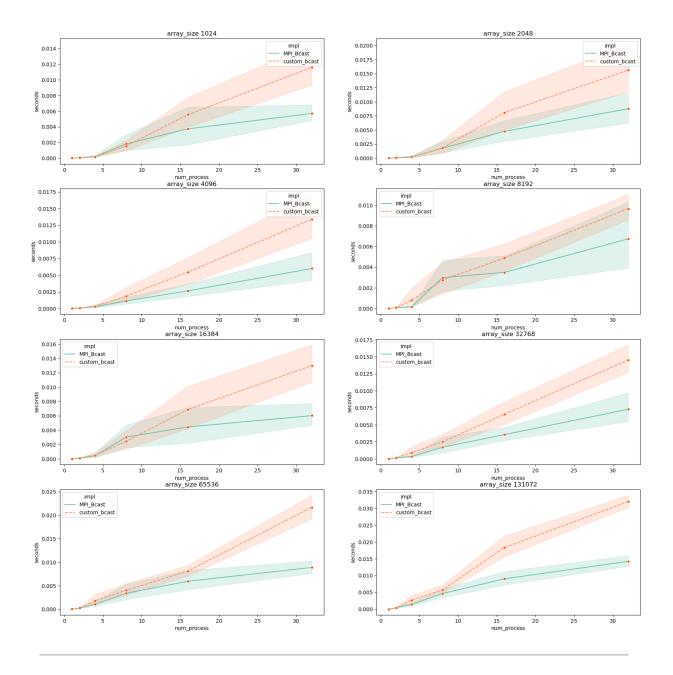
- 1. A distribuição das amostras será aproximadamente uma distribuição normal.
- 2. A distribuição das amostras tem uma média aproximadamente igual à média da população de origem.
- A distribuição das amostras tem uma variância aproximadamente a variância da população de origem dividida pelo tamanho da amostra.
- 4. A distribuição das amostras tem um desvio padrão próximo ao desvio padrão da população de origem dividido pela raiz do tamanho da amostra.

Para o experimento, cada combinação de parâmetros foi avaliada 30 vezes (n=30). Para construção do baseline (implementação MPI_Bcast) foram colhidas 1.440 amostras. Para a implementação customizada (custom_bcast) foram colhidas 1.4400 amostras adicionais. Esses resultados foram salvos no arquivo: ep2_diogo_alves_results_raw.csv .

Por fim, para cada combinação de parâmetros, foi calculada a média (μ) , desvio padrão (σ) e e intervalo de confiança de 95% ($\mu - \frac{1.96*\sigma}{\sqrt{n}}, \mu + \frac{1.96*\sigma}{\sqrt{n}}$) e salvo no arquivo ep2_diogo_alves_results_summary.csv .

As Figuras abaixo, resumem os resultados de todas as execuções.

- As amostras (data points) estão destacadas com pontos vermelhos ('o') e representam os parâmetros testados.
- As linhas representam a interpolação das amostras coletadas.
- As áreas sombreadas representam o intevalo de confiança de 95%.
- O estilo da linha representa a implementação utilizada.
- Cada subplot representa um array size.
- O eixo x representa o número de processo.
- O eixo y representa o tempo de execução médio em segundos.



Analisar a variação dos valores obtidos

Resposta:

A **Figura 1** resume os valores das duas implementações. A linha referente a implementação MPI_bcast oferece um baseline de comparação para os resultado implementação custom_bcast .

num_processes = 1, 2, 4, 8, 16

Para todos os tamanhos de array, pode-se observar que o tempo médio de execução entre as duas implementações fica mais ou menos equivalente dentro dos intervalos de confiança. Embora o valor médio da implementação customizada pareça ser maior do que o valor médio da baseline, a variabilidade das amostras indica que, por si só, não é suficiente para concluir que a implementação customizada seja menos eficiente do que a implementação baseline.

num_process = 32

Já nessa região, é possível perceber de forma mais clara um descolamento entre os intervalos de confiança, permitindo

afirmar que a implementação customizada tem um tempo de execução médio superior à implementação baseline nesse computador específico. Uma possível explicação para isso seria o overhead de tratar a comunicação processo a processo da implementação customizada, o qual começa a se tornar significativo no tempo de execução da tarefa. Além disso, talvez, o fato do processo root chamar o MPI_Send dentro de um loop sequencial também poderia contribuir para um tempo total de execução superior a implementação baseline.

Anexos

Código de checagem da implementação

```
In [ ]: import numpy as np
        import pandas as pd
        import subprocess
        import seaborn as sns
        from tqdm.notebook import tqdm
        import matplotlib.pyplot as plt
        from os.path import exists
        CSV RAW FILE = 'ep2 diogo alves results raw.csv'
        CSV_SUMMARY_FILE = 'ep2_diogo_alves_results_summary.csv'
        array_sizes = (2**10, 2**11, 2**12, 2**13, 2**14, 2**15, 2**16, 2**17)
        num_processes = (1, 2, 4, 8, 16, 32)
        samples_per_evaluation = 30
        def cpu info():
          command = "lscpu | grep -Ei '^Cpu\(s\):|thread|core|soquete'"
          subprocess.Popen(command, shell=True).wait()
          return None
        def make(debug=False):
          command = 'cd src/ && make clean && make'
            command += f' debug'
          subprocess.Popen(command, shell=True, stdout=subprocess.DEVNULL).wait()
          return None
        def check(array_size, num_process, root):
          cmd = ['mpirun', '-np', str(num_process), '--oversubscribe', './broadcast', '--array_size', str(array
          result = False
          with subprocess.Popen(cmd, stdout=subprocess.PIPE, cwd='src') as proc:
            output = str(proc.stdout.read())
            pos enviados = output.find("enviados")
            pos_inicio_golden = output.find('\\n', pos_enviados + 1) + 2
            pos_fim_golden = output.find('\\n', pos_inicio_golden + 1) - 1
            golden = output[pos_inicio_golden:pos_fim_golden]
            golden_occurrences = output.count(golden)
            result = golden_occurrences == num_process
          return result
        def check_all_combinations(array_sizes, num_processes):
          make(debug=True)
          total evaluations = len(array sizes) * len(num processes) * len(num processes)
          with tqdm(total=total_evaluations) as pbar:
            for array_size in array_sizes:
              for num_process in num_processes:
                  for root in range(num_process):
                    is_OK = check(array_size, num_process, root)
                    if not is OK:
                      print(f'Check failed for array_size={array_size}, num_process={num_process} and root={roo
                      return False
                    pbar.update(1)
          print('Check passed for all combinations
```

Código do experimento

```
In [ ]: def time_test(array_size, num_process, custom=False):
    cmd = ['mpirun', '-np', str(num_process), '--oversubscribe', './broadcast', '--array_size', str(array
    if custom:
        cmd.append('--custom')

with subprocess.Popen(cmd, stdout=subprocess.PIPE, cwd='src') as proc:
    seconds = float(proc.stdout.read())
```

```
return seconds
def add 95perc confidence(row):
  interval = (1.96 * row['std'])/row['count']
  row['95 confidence interval min'] = row['mean'] - interval
  row['95_confidence_interval_max'] = row['mean'] + interval
  return row
def experiment(array sizes, num processes, samples per evaluation):
  make(debug=False)
  results = []
  total_evaluations = samples_per_evaluation * len(array sizes) * len(num processes)
  print(f''
      array sizes: {array sizes}
      num_processes: {num_processes}
      samples per evaluation: {samples per evaluation}
      total_baseline_evaluations: {total_evaluations }
  with tqdm(total=total_evaluations) as pbar:
    for array size in array sizes:
      for num_process in num_processes:
        for _ in range(samples_per_evaluation):
         # Baseline
          seconds = time_test(array_size, num_process, custom=False)
          results.append({'impl': 'MPI_Bcast', 'array_size': array_size, 'num_process': num_process, 's
          # Custom implementation
          seconds = time_test(array_size, num_process, custom=True)
          results.append({'impl': 'custom_bcast', 'array_size': array_size, 'num_process': num_process,
          pbar.update(1)
  results = pd.DataFrame(results)
  results_summary = results.groupby(['impl', 'array_size', 'num_process'])['seconds'].describe()[['coun
  results_summary = results_summary.apply(add_95perc_confidence, axis=1)
  results_summary = results_summary.astype({'impl': str, 'array_size': int, 'num_process': int, 'count'
  results.to csv(CSV RAW FILE, index=False)
  results_summary.to_csv(CSV_SUMMARY_FILE, index=False)
  return (results, results_summary)
def reload_or_run(array_sizes, num_processes, samples_per_evaluation):
  results found = exists(CSV RAW FILE) and exists(CSV SUMMARY FILE)
  if results found:
   print('Results found. Loading data to workspace...')
    results = pd.read_csv(CSV RAW FILE)
    results summary = pd.read csv(CSV SUMMARY FILE)
    print('Results NOT found. Starting the experiment...')
    results, results_summary = experiment(array_sizes, num_processes, samples_per_evaluation)
  return (results, results_summary)
# Reload or run
results, results_summary = reload_or_run(array_sizes, num_processes, samples_per_evaluation)
```

Results found. Loading data to workspace...

Código gerador das figuras

```
In []: def figura_1():
    fig, ax = plt.subplots(4,2,figsize=(20,20))
    fig.suptitle("Figura 1. Resumo das execuções", fontsize=15)
    for index in range(len(array_sizes)):
        row = index//2
        col = index%2
        selected_array_size = array_sizes[index]
        filtrado = results.loc[results['array_size'] == selected_array_size]
        ax[row][col].title.set_text(f'array_size {selected_array_size}')
        sns.lineplot(data=filtrado, x='num process', y='seconds', hue='impl', style='impl', marker='o', mar
```