

High Performance Computing

Projet final : Parallélisation de l'algorithme de Jacobi

Rémi Garde

Mars 2018

Table des matières

1	Méthode de Jacobi	3
1.1	Définition du problème	3
1.2	Résolution	3
1.3	Convergence	4
2	Implémentation	5
2.1	Structures de données	5
2.2	Parallélisation	5
2.3	Arrêt	6
2.4	Communication entre les processus	7
3	Résultats	8

1 Méthode de Jacobi

1.1 Définition du problème

Soit $n \in \mathbb{N}$, $A = (a_{ij})_{(i,j) \in \llbracket 1, n \rrbracket^2}$ une matrice carrée de taille n , $B = (b_i)_{i \in \llbracket 1, n \rrbracket}$ un vecteur de taille n . Nous cherchons à résoudre le système d'équations linéaires

$$AX = B \quad (1)$$

pour $X = (x_i)_{i \in \llbracket 1, n \rrbracket}$ vecteur de taille n .

1.2 Résolution

Pour résoudre ce problème, A est séparée en 2 matrices D et R , avec D matrice de la diagonale de A et R les éléments non diagonaux de A :

$$A = \begin{pmatrix} a_{1,1} & a_{1,2} & \cdots & a_{1,n} \\ a_{2,1} & a_{2,2} & \cdots & a_{2,n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ a_{n,1} & a_{n,2} & \cdots & a_{n,n} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} a_{1,1} & 0 & \cdots & 0 \\ 0 & a_{2,2} & \cdots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & \cdots & a_{n,n} \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 0 & a_{1,2} & \cdots & a_{1,n} \\ a_{2,1} & 0 & \cdots & a_{2,n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ a_{n,1} & a_{n,2} & \cdots & 0 \end{pmatrix}$$

Ceci est intéressant car le calcul de D^{-1} est trivial :

$$D^{-1} = \begin{pmatrix} \frac{1}{a_{1,1}} & 0 & \cdots & 0 \\ 0 & \frac{1}{a_{2,2}} & \cdots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & \cdots & \frac{1}{a_{n,n}} \end{pmatrix}$$

La formulation (1) devient donc équivalente à $(D + R)X = B$ ce qui donne :

$$X = D^{-1}(B - RX) \quad (2)$$

Nous pouvons ensuite poser la suite $X^{(k)}, n \in \mathbb{N}$ définie comme suit :

$$\begin{cases} X^{(0)} = 0 \\ X^{(k+1)} = D^{-1}(B - RX^{(k)}), \quad k \in \mathbb{N}^* \end{cases}$$

La formule de récurrence s'écrit pour chacun des éléments de X :

$$\forall k \in \mathbb{N}^*, \forall i \in \llbracket 1, n \rrbracket, x_i^{(k+1)} = \frac{1}{a_{ii}}(b_i - \sum_{i \neq j} a_{ij}x_j^{(k)}) \quad (3)$$

1.3 Convergence

Déterminons une condition telle que $\lim_{k \rightarrow \infty} X^{(k)} = X$. En posant $A' = -D^{-1}R$ et $B' = D^{-1}B$, (2) devient alors :

$$X = A'X + B'$$

et ainsi

$$X^{(k+1)} - X = A'X^{(k)} + B' - (A'X + B') = A'(X^{(k)} - X)$$

ce qui indique

$$\lim_{k \rightarrow \infty} \|X^{(k+1)} - X\| = 0 \Leftrightarrow \rho(A') < 1$$

On remarque que les coefficients de A' s'écrivent :

$$a'_{i,j} = \begin{cases} 0 & \text{si } i = j \\ \frac{-a_{ij}}{a_{ii}} & \text{si } i \neq j \end{cases}$$

Soit λ une valeur propre de A' et $Y = (y_i)$ un vecteur propre associé. $A'Y = \lambda Y$ donne donc pour tout i :

$$\begin{aligned} \|\lambda Y\|_{\infty} &= \left| \sum_j a'_{ij} y_j \right| \\ |\lambda| \cdot \|Y\|_{\infty} &= \left| \sum_{j \neq i} \frac{-a_{ij}}{a_{ii}} y_j \right| \\ |\lambda| \cdot \|Y\|_{\infty} &= \left| \frac{1}{a_{ii}} \right| \cdot \left| \sum_{j \neq i} -a_{ij} y_j \right| \\ |\lambda| \cdot \|Y\|_{\infty} &\leq \left| \frac{1}{a_{ii}} \right| \sum_{j \neq i} |a_{ij} y_j| \\ |\lambda| \cdot \|Y\|_{\infty} &\leq \left| \frac{1}{a_{ii}} \right| \sum_{j \neq i} |a_{ij}| \cdot \|Y\|_{\infty} \end{aligned}$$

Or, pour toute matrice $M = (m_{ij})$ à diagonale strictement dominante :

$$\forall i, |m_{ii}| > \sum_{j \neq i} |m_{ij}|$$

Ainsi, si A est diagonale strictement dominante, alors son rayon spectral est inférieur à 1, ce qui fait converger la méthode de Jacobi.

2 Implémentation

2.1 Structures de données

J'ai choisi de représenter mes matrices et vecteurs de façon très simple : des tableaux de `double` et des entiers présentant les dimensions du tableau. Les deux fichiers les implémentant, `matrix.c` et `vector.c` sont donc très similaires. Ils contiennent des fonctions très simples pour la création, destruction et l'affichage de leur données, ainsi qu'une fonction leur permettant la création depuis un fichier. Cette dernière ne va charger qu'une partie de la matrice ou du vecteur pour limiter l'utilisation de mémoire.

Cette structure de données n'est pas idéale pour les matrices, car dans les cas réels elles seront creuses, diminuant de beaucoup l'efficacité mémoire. Une amélioration possible serait de réécrire `matrix.c` en l'implémentant sous la forme de tableaux représentant les coordonnées des valeurs. On gagnera ainsi en taille mémoire, et l'on perdra en temps d'accès aux valeurs.

2.2 Parallélisation

On cherche donc à paralléliser (3). Pour cela, on va partager les n lignes entre les q processus. Cela donne les relations suivantes pour un processus n° p , en notant $d = \lfloor \frac{n}{p} \rfloor$ et $r = \text{mod}(n, p)$:

- Nombre de lignes : d si $p < r$, $d + 1$ sinon ;
- Sa première ligne est $dp + \min(r, p)$
- le processus contenant la ligne i est le n° $\lfloor \frac{iq}{n} \rfloor$

Ces relations sont valables pour une numérotation des lignes et des processus commençant tous deux à 0. Cela correspond aux variables `num_rows` et `first_row` dans le code.

Bien sûr, une telle séparation n'est a priori pas réalisable, le calcul de x_i dépendant des $x_j, j \neq i$. Pour y remédier, chaque processus va contenir deux vecteurs : `x_local` et `x_global`. Le premier correspond aux lignes spécifiques aux processus, le deuxième à la totalité du vecteur $X^{(k)}$. Lors de chaque itérations, les processus commencent par envoyer à chacun leurs valeurs dans leur `x_local`. Tous les processus remplissent alors `x_global`, ce qui leur permet de calculer la nouvelle itération de `x_local`. Il ne reste plus qu'à répéter cette opération jusqu'à ce qu'on soit satisfait de l'approximation de X obtenue.

2.3 Arrêt

Afin de déterminer l'erreur commise $\epsilon_k = \|X^{(k)} - X\|_\infty$, la première réaction est de calculer $AX^k - b = A(X^k - X)$. Cependant c'est là un nouveau calcul de produit matrice-vecteurs, que l'on cherche justement à accélérer.

En remarquant qu'en fin d'itération, **x_local** correspond à $X^{(k+1)}$ et **x_global** à $X^{(k)}$, on va plutôt calculer : $\mu_k = \|X^{(k+1)} - X^{(k)}\|_\infty$. En effet :

$$\begin{aligned}\mu_k &= \|A'X^{(k)} + B' - X^{(k)}\|_\infty \\ &= \|A'X^{(k)} + X - A'X - X^{(k)}\|_\infty \\ &= \|A'(X^{(k)} - X) - (X^{(k)} - X)\|_\infty \\ \mu_k &\geq \left| \|A'(X^{(k)} - X)\|_\infty - \epsilon_k \right|\end{aligned}$$

Or, nous avons vu que pour la convergence, le rayon spectral de A' est nécessairement strictement inférieur à 1. Donc $\|A'(X^{(k)} - X)\|_\infty \leq \epsilon_k$ et enfin $\mu_k \geq \epsilon_k$.

Ainsi, pour obtenir une valeur approchée de X à 10^{-6} près, il suffira d'itérer jusqu'à obtenir une différence entre **x_local** et **x_global** de moins de 10^{-6} .

En pratique, pour limiter le nombre de calculs, à chaque coefficient **x_local[i]** on associe un booléen **residues[i]** qui indique si $x_i^{(k)}$ doit encore itérer. Si ce n'est pas le cas, on ne fait plus le calcul associé : $x_i^{(k+1)} = x_i^{(k)}$. Pour tester la fin du programme dans sa totalité, chaque processus va vérifier si au moins une valeur de **residues** est à **true**. Ensuite chaque processus va envoyer ce résultat **local_continue** au premier processus, qui va pouvoir déterminer si la solution est suffisamment bien approchée dans sa globalité. Il répondra donc à tous les processus un ordre de continuer ou de s'arrêter suivant le cas, gérée par la variable **run**.

2.4 Communication entre les processus

Avec ce qui a été dit précédemment, nous avons 2 communications à faire : la première le partage de `x_local` avec tous les autres processus, la deuxième la mise en commun des `local_continue`.

Pour partager le vecteur `x_local`, chaque processus va itérer sur la ligne i . On détermine d'abord quel processus contient le coefficient x_i , et ce processus va envoyer cette valeur à tous les autres, dans l'ordre, soit $(q - 1)$ `MPI_Send` avec q nombre de processus. Les autres processus ont juste à faire un `MPI_Recv`.

Quant au partage de `local_continue`, il suffit à chaque processus autre que 0 un `MPI_Send`, et $(q - 1)$ `MPI_Recv` pour le processus 0, et les opérations inverses pour le partage du `global_continue`.

Deux modèles de communications sont possibles : un format synchrone, où chaque opération est bloquante, et un format asynchrone, où les opérations de communications ne sont pas bloquantes, et l'on doit utiliser d'autres fonctions pour savoir lorsqu'elles ont eu lieu. On peut gagner beaucoup de temps grâce à l'asynchrone ici : chaque coefficient peut être récupéré indépendamment, et il suffit de savoir quand tous ces coefficients ont été transmis. Pour cela, on change les `MPI_Send` en `MPI_Isend`, les `MPI_Recv` en `MPI_Irecv`, en rajoutant en argument une `MPI_Request` qui permettra ensuite de tester sa complétion. Cependant il est ici inutile de tester directement la complétion d'une requête particulière, il suffit de rajouter un `MPI_Barrier` après le bloc d'envoi et de réception. Chaque processus va alors créer ses requêtes, chacun à sa vitesse, puis s'arrêter sur le `MPI_Barrier` jusqu'à ce que tous les processus y soient. Alors le processus reprendra son cours.

Dans le code, le choix du mode de communication se fait en fonction du 5e argument `argv[5]` : 0 pour synchrone, 1 pour asynchrone, 2 pour asynchrone et enlever les `MPI_Barrier`. Dans ce dernier cas, on va override les résidus : en effet si aucun des messages n'a été transmis, $X^{(k+1)} = X^{(k)}$ et l'on arrêtera d'itérer dessus. Le programme stoppera quand il atteindra la limite d'itérations, 5000. Un `MPI_Barrier` à ce moment récupérera les requêtes perdues. Attention cependant : le nombre total de requêtes vaut : $5000nq$, si les itérations sont finies avant que les requêtes aient été reçues, cela fait une quantité de mémoire non négligeable.

3 Résultats

Le code est compilé et lancé comme suit :

```
$ mpicc code/*.c -o out
$ mpirun -n <number_of_processors> ./out \
    <matrix_size> <matrix_file_path> <vector_file_path> <sync_type>
$ mpirun -n 2 ./out 20 examples/mat20.txt examples/vec20.txt 0
```

avec `<sync_type>` correspondant à 0 pour synchrone, 1 pour asynchrone, et 2 pour asynchrone sans `MPI_Barrier`

Dans le dossier `examples` je propose quelques exemples de matrices à diagonale strictement dominante, de tailles respectives 4, 20, et 300.

Je ne remarque pas de différence en temps d'exécutions entre le synchrone et l'asynchrone. Cependant mon choix d'arrêt au bout de 5000 itérations rend dans tous les cas l'asynchrone sans `MPI_Barrier` plus lent. De même, la différence est minime lorsque je change la taille de la matrice en restant raisonnable ($n \leq 300$). Les 3 exemples de tailles 4, 20 et 300 sont des matrices denses.

Le programme n'est plus instantané pour mon exemple de taille 5000. Cet exemple est contenu dans un fichier zip supplémentaire pour vous laisser le choix de son utilisation, car décompressée la matrice fait 50Mo. Il s'agit d'une matrice creuse, où seules les 5 diagonales les plus proches du centre sont remplies. Le programme finit en quelques secondes toutefois, au bout de 24 itérations. L'impact mémoire, de quelques centaines de Mo, est pour la première fois sensible.

Utiliser l'asynchrone sans `MPI_Barrier` ne marche pas très bien. On s'aperçoit que quelques coefficients sont itérés, mais pas tous. Je suppose que le programme itère plus vite que MPI parvient à faire les requêtes. Je pense donc que même dans ce cas, l'algorithme converge au temps (beaucoup plus) long.